



INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ
Polskiej Akademii Nauk

SPRAWOZDANIE

z działalności w roku 2025



Poznań, marzec 2026



SPRAWOZDANIE

z działalności w roku 2025

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk

Ośrodek Wydawnictw Naukowych • Poznań, marzec 2026

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk
Sprawozdanie z działalności w roku 2025

Przygotowanie

Julia Brzoska-Karwat, Magdalena Łuczak
Elżbieta Adamczyk, Paweł Goderski
Karolina Korycka, Kinga Schiller, Bartosz Szubiński

Okladka

Na okładce wykorzystano
grafikę promującą projekt „G4PL” autorstwa
Jagody Obiegały

Redakcja techniczna

Ewa Rozmiarek

Wydawca

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
Ośrodek Wydawnictw Naukowych
Noskowskiego 12/14 61-704 Poznań

Druk i oprawa

Moś i Łuczak, Poznań

SPIS TREŚCI

Wstęp	5
Informacje ogólne	7
Dyrekcja	7
Uprawiane specjalności naukowe	7
Struktura organizacyjna	8
Zatrudnienie	10
Międzynarodowy Zespół Doradcy	11
Działalność publikacyjna	11
Działalność naukowa	12
Projekty strategiczne	13
Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych	18
Rozwój kadry naukowej	19
Kształcenie doktorantów	22
Uczestnicy innych form kształcenia	22
Wynalazki	22
Działalność wydawnicza	23
Nagrody i wyróżnienia	24
Organizacja seminariów i konferencji naukowych	26
Najważniejsze osiągnięcia	27
Pozostałe ważne wyniki	35
HR Excellence in Research	47
Działalność edukacyjna, popularyzatorska i kulturalna ICHB PAN w Zespole Pałacowo-Parkowym w Turwi	48
Działalność statutowa	50
Tematy statutowe realizowane w roku 2025	50
Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urzędu badawczego (SPUB)	53
Opis działalności naukowej	54
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	54
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych	58
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	60
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	66
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	67
Zakład Genetyki Molekularnej	70
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA	73
Zakład Inżynierii Genomowej	76
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	79
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein	81
Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów	83
Zakład Biotechnologii Medycznej	87
Zakład Chemii Biopolimerów	90

Zakład Neuroonkologii Molekularnej.....	93
Zakład Proteomiki Biomedycznej	97
Zakład Struktury i Funkcji RNA.....	100
Zakład Badań Strukturalnych RNA	102
Zakład Biologii Komórek Nerwowych.....	104
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	106
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych.....	108
Zakład Biololekularnego NMR	110
Zakład Chorób Rzadkich	113
Zakład Genetyki Nowotworów	115
Zakład Genomiki Roślin.....	116
Zakład Niekodujących RNA	118
Zakład Wirusologii Molekularnej.....	120
Zakład Biologii Medycznej.....	122
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	124
Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju.....	127
Centrum Biologii Chemicznej ERIC	128
Dział Wsparcia Badań.....	132
Projekty realizowane w Instytucie w 2025 roku	135
Projekty realizowane w PCSS w 2025 roku.....	148
Współpraca naukowa z partnerami krajowymi	153
Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi	165
Spis publikacji.....	175
Załączniki	193
Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2023–2026.....	193
Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2025).....	195
Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2025).....	196
Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN.....	197
Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań	199
Załącznik 6. VI kongres nauki o życiu BIO2025	200
Załącznik 7. 16 Tydzień Mózgu.....	206
Załącznik 8. „Piknik u generała” – żywa lekcja historii Turwi	207
Załącznik 9. Nauka na Wakacjach.....	208

Wstęp

Szanowni Państwo,

Minęło właśnie pierwsze ćwierćwiecze XXI wieku. Nasuwa się w tym momencie refleksja, czy był to czas, który spełnił pokładane w nim oczekiwania? Niestety nie możemy powiedzieć dziś, że żyjemy w czasach pełnej stabilizacji i niezagrażonego niczym pokoju. W 2020 roku światem wstrząsnęła pandemia COVID-19, nieustannie wybuchają gdzieś konflikty zbrojne. Wojna tocząca się tuż za naszą wschodnią granicą wciąż trwa, choć od inwazji Rosji na Ukrainę mijają właśnie 4 lata. Amerykańska demokracja trzęsie się w posadach i ogranicza wydatki na naukę, a Chiny, nie szczędząc na ten cel środków, stały się drugą i najszybciej rozwijającą się gospodarką świata.

Z punktu widzenia nauki bez wątpienia był to okres intensywnego rozwoju technologii, który dostarczył nam cennych narzędzi analitycznych i pozwolił diametralnie zmienić skalę prowadzonych badań. Zamiast pojedynczych molekuł i procesów możemy teraz badać ich tysiące i to w jednym eksperymencie. Korzystając z wysoko-przepustowych technologii i wielowymiarowych podejść badawczych, możemy realizować wielkoskalowe i interdyscyplinarne projekty. To rodzi jednak wyzwania zupełnie innej natury – znacznie szybciej gromadzimy dane niż jesteśmy w stanie je analizować. Każdego dnia przybywa setek nowych publikacji, co sprawia, że nie nadążamy ze śledzeniem nawet tej dziedziny, w której się specjalizujemy. Coraz trudniej poruszać się w gąszczu zalewających nas informacji, zwłaszcza że nie wszystkie muszą być prawdziwe. Dynamiczny rozwój algorytmów sztucznej inteligencji niesie bowiem ze sobą wielkie obietnice, ale i zagrożenia.

Od nauki oczekuje się teraz innowacyjności i aplikacyjności, badania podstawowe coraz częściej schodzą na dalszy plan, choć przecież bez nich rozwój praktycznych zastosowań jest niemożliwy. Narodowe Centrum Nauki, główna instytucja finansująca badania naukowe w Polsce, jest wciąż dramatycznie niedofinansowana, co przekłada się na niski wskaźnik sukcesu w pozyskiwaniu grantów. Inne instytucje przyznające projekty prześcigają się z kolei w obmyślaniu coraz bardziej zawiłych przepisów, co sprawia, że realizacja grantów staje się biurokratycznym koszmarem.

W Instytucie rok 2025, a w szczególności jego druga połowa, upłynęła pod znakiem kontroli. Jesienią przypadł czas na ewaluację ze strony Polskiej Akademii Nauk, dokonywaną raz na cztery lata przez Komisję Wydziału II PAN. Zbiegła się ona w czasie z ewaluacją Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów PAN, która została poddana ocenie pierwszy raz. Wówczas trwały już intensywne przygotowania do ogólnopolskiej ewaluacji jakości działalności naukowej za lata 2022–2025. Jednocześnie, w ramach zaplanowanej na ten rok kontroli PAN, od sierpnia do grudnia gościliśmy u siebie Najwyższą Izbę Kontroli.

Wszystkie te działania mocno utrudniały nam codzienną pracę, nie znaczy to jednak, że rok 2025 nie obfitował również w ważne wydarzenia naukowe. Podczas majowej sesji sprawozdawczej towarzyszył nam po raz pierwszy od wielu lat Międzynarodowy Zespół Doradczy, powołany w nowym składzie rok wcześniej. We wrześniu Instytut, wspólnie z Polskim Towarzystwem Biochemicznym, zorganizował w Poznaniu udaną międzynarodową konferencję BIO 2025. Przyjechało na nią wielu znakomitych gości z kraju i z zagranicy, w tym Harold Varmus (laureat Nagrody Nobla z 1989 r.), Magdalena Żernicka-Goetz, Virginijus Šikšnys i Nikolaus Rajewsky.

Opublikowaliśmy ponad 150 prac naukowych, w tym w takich czasopismach jak *Nature Communications*, *Nature Plants*, *Nature Methods*, *Nucleic Acids Research*, *Plant Physiology* czy *Journal of Experimental and Clinical Research*. Prowadziliśmy również bardzo intensywną działalność upowszechniającą naukę.

W kadrze naukowej ICHB PAN pojawił się nowy profesor tytularny (prof. dr hab. Marcin Chmielewski), dwie naukowczynie uzyskały stopień doktora habilitowanego (dr hab. Monika Piwecka i dr hab. Anna Piasecka), przybyło też dziewięciu nowych doktorów. Łączna liczba doktoratów obronionych w Instytucie osiągnęła tym samym 250.

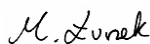
Wydział II Nauk Biologicznych i Rolniczych Polskiej Akademii Nauk wyróżnił osiągnięcie badawcze pt. „Zaproponowanie nowego modelu oddziaływań DNAzymu 8-17 z jonami metali” Zakładu Biomolekularnego NMR pod kierunkiem dr. Witolda Andrałowicza. Z kolei Komitet Krystalografii PAN przyznał „Diamenty Krystalograficzne” dwóm zespołom krystalografów z ICHB PAN, kierowanym przez prof. Mariusza Jaskólskiego oraz dr hab. Agnieszkę Kiliszek.

Pomyślnie zakończyliśmy I etap remontu w Pałacu w Turwi oraz utrzymaliśmy wyróżnienie logo „HR Excellence in Research”.

Pod względem finansowym rok 2025 był zdecydowanie lepszy od poprzedniego. Środki pozyskane z subwencji i dotacji rządowych stanowiły łącznie około 43 mln zł. Na realizację projektów Instytut otrzymał blisko 47 mln, z czego największą część stanowiły środki z NCN (17 mln zł) i z projektów strukturalnych (również 17 mln zł). PCSS na swoją działalność pozyskał z różnego typu grantów środki w łącznej wysokości 185,7 mln zł. Otrzymaliśmy także nowe projekty, w tym międzynarodowe: Plant lessons: Identification of intrinsic and extrinsic factors determining higher plant ABC transporter directionality (MAPS), GEANT5 (GN5-2), FAIR2Adapt – FAIR to Adapt to Climate Change, PIAST AI Factory oraz infrastrukturalne: „Genomika dla Polski” (G4PL), „Omniplant”, „GraviQ – Synchroniczna sieć mobilnych grawimetrów kwantowych”, „PUCHACZ – Platforma Uzyskiwania CHarakterystyk Adwersarzy i CyberZagrożeń”. Łącznie w 2025 roku realizowaliśmy blisko 200 projektów.

Nowe projekty otwierają nowe możliwości, dlatego mimo różnorodnych przeszkód i ograniczeń, z optymizmem spoglądamy w przyszłość.

Zastępca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Naukowych



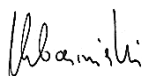
dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB
PAN

Zastępca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Koordynacji Badań



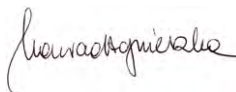
Julia Brzoska-Karwat

Zastępca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Finansowych



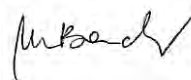
Adam Kubasiński

Zastępca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Współpracy



Agnieszka Konrad

Zastępca Dyrektora
ICHB PAN
ds. Ogólnoadministracyjnych



Małgorzata Radwańska-Borucka

Dyrektor ICHB PAN



dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN

Informacje ogólne



Dyrekcja

Dyrektor: DR HAB. LUIZA HANDSCHUH, PROF. ICHB PAN

Zastępca Dyrektora ds. Naukowych: DR HAB. MAGDALENA ŁUCZAK, PROF. ICHB PAN

Zastępca Dyrektora ds. Ogólnoadministracyjnych: MGR MAŁGORZATA RADWAŃSKA-BORUCKA

Zastępca Dyrektora ds. Koordynacji Badań: MGR JULIA BRZOSKA-KARWAT

Zastępca Dyrektora ds. Współpracy: MGR AGNIESZKA KONRAD

Zastępca Dyrektora ds. Finansowych: MGR ADAM KUBASIŃSKI

Uprawiane specjalności naukowe

- | | |
|----------------------------------|--|
| – Chemia bioorganiczna | – Biomedycyna |
| – Chemia strukturalna | – Neurobiologia |
| – Biochemia | – Genomika |
| – Biologia molekularna | – Proteomika |
| – Biologia systemowa | – Metabolomika |
| – Genetyka molekularna | – Bioinformatyka |
| – Biologia strukturalna | – Informatyka |
| – Biologia roślin | – Technologie informatyczne i sieciowe |
| – Biotechnologia i bioinżynieria | |

Struktura organizacyjna

W pionie naukowym ICHB PAN funkcjonują zakłady naukowe, zespoły merytoryczne oraz pracownice specjalistyczne. Istnieją cztery typy zakładów:

- **Zakłady Wiodące (ZW)** – stanowiące trzon badawczy Instytutu, kierowane przez doświadczonych profesorów, dla których ICHB PAN jest pierwszym miejscem zatrudnienia. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZW wynosi 4.
- **Zakłady Zaawansowane (ZZ)** – zakłady kierowane przez pracowników naukowych, którzy zdobyli już doświadczenie w kierowaniu własnym zakładem i uzyskali wysoką ocenę ekspertów w trakcie przeglądu działalności zakładów młodych liderów. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZZ wynosi 4.
- **Zakłady Młodych Liderów (ZML)** – zakłady kierowane przez młodych pracowników rozpoczynających karierę naukową (doktorzy, doktorzy habilitowani). Podlegają one okresowej ocenie, w wyniku której mogą zostać utrzymane, przekształcone w Zakład Wiodący, Zaawansowany lub rozwiązane. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZML wynosi 2.
- **Zakłady Senioralne (ZS)** – przeznaczone dla emerytowanych profesorów kontynuujących pracę naukową. Maksymalna liczba etatów opłacanych ze środków statutowych w ZS wynosi 2.

Zespoły merytoryczne mają charakter tymczasowy i są powoływane w celu realizacji określonych zadań badawczych. Pracownice specjalistyczne służą przede wszystkim jako zaplecze infrastrukturalne dla działalności zakładów i zespołów, świadczą również usługi podmiotom zewnętrznym.

Najistotniejsze zmiany organizacyjne w 2025 r.

1. Rozwiązano Zakład Neurobiologii Molekularnej (kierownik: prof. dr hab. Maciej Figiel, 02.08.2025 r.)
2. Zmieniono nazwę Pracowni Inżynierii Białek na Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek (kierownik: dr hab. Anna Urbanowicz, prof. ICHB PAN, 01.03.2025 r.)

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2025 roku, w Instytucie działało 28 zakładów (9 ZW, 7 ZZ, 10 ZML i 2 ZS), 13 pracowni specjalistycznych oraz 1 zespół merytoryczny. W skład Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w 2025 r. wchodziły następujące jednostki organizacyjne:

I. Instytut

1. Pion Zakładów Naukowych

- Zakład Badań Strukturalnych RNA (ZML, dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biochemii Rybonukleoprotein (ZZ, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Bioinformatyki Strukturalnej (ZW, prof. dr hab. Marta Szachniuk),
- Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych (ZW, prof. dr hab. Anna Pasternak),
- Zakład Biologii Komórek Nerwowych (ZML, dr inż. Paweł Świtoński),
- Zakład Biologii Medycznej (ZS, prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska),
- Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej (ZW, prof. dr hab. Marek Figlerowicz),
- Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA (ZML, dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN),

- Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów (ZZ, dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych (ZML, dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biotechnologii Medycznej (ZZ, dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN),
- Zakład Biomolekularnego NMR (ZML, dr Witold Andrałojć),
- Zakład Chemii Biopolimerów (ZZ, prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski),
- Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych (ZS, prof. dr hab. Ryszard Kierzek),
- Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych (ZW, dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN),
- Zakład Chorób Rzadkich (ZML, dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN),
- Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin (ZW, prof. dr hab. Michał Jasiński),
- Zakład Genetyki Molekularnej (ZW, prof. dr hab. Piotr Kozłowski),
- Zakład Genetyki Nowotworów (ZML, dr Katarzyna Klonowska),
- Zakład Genomiki Roślin (ZML, dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN),
- Zakład Genomiki Strukturalnej RNA (ZW, prof. dr hab. Elżbieta Kierzek),
- Zakład Inżynierii Genomowej (ZW, prof. dr hab. Marta Olejniczak),
- Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin (ZW, prof. dr hab. Paweł Bednarek),
- Zakład Neuroonkologii Molekularnej (ZZ, dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN),
- Zakład Niekodujących RNA (ZML, dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN),
- Zakład Proteomiki Biomedycznej (ZZ, dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN),
- Zakład Struktury i Funkcji RNA (ZZ, dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN),
- Zakład Wirusologii Molekularnej (ZML, dr inż. Paweł Zmora).

2. Zespoły

- Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju (dr Ewa Woźniak-Gientka).

3. Pion Pracowni Specjalistycznych (zgrupowane w cztery centra)

Centrum Biologii Strukturalnej

- Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko),
- Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek (dr hab. Anna Urbanowicz, prof. ICHB PAN),
- Pracownia NMR (dr Karol Pasternak).

Centrum Multiomiczne

- Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek (dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN),
- Pracownia Bioinformatyki (dr hab. Anna Philips, prof. ICHB PAN),
- Pracownia Genomiki (dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN),
- Pracownia Spektrometrii Mas (dr Łukasz Marczak).

Centrum Biologii Chemicznej ERIC

- Pracownia Chemii Medycznej (dr Dorota Jakubczyk),
- Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego (dr Dorota Kwiatek-Rożek).

Centrum Układów Modelowych

- Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych (dr Natalia Koralewska),
- Pracownia Hodowli Roślin (dr Aleksandra Paweła),

- Pracownia Modelowych Organizmów Ssacznych (dr Łukasz Przybył),
- Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN).

4. Poznańska Szkoła Doktorska Instytutów Polskiej Akademii Nauk

(dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB PAN).

5. Pion Koordynacji Badań.

6. Pion ds. Współpracy.

7. Pion Administracji i Obsługi.

8. Pion Finansowy.

9. Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.

II. Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (Pełnomocnik ds. PCSS: mgr inż. Robert Pękal, Zastępca Pełnomocnika ds. PCSS: mgr Urszula Grygier-Soboń).

Przy Instytucie od 1993 r. działa Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (PCSS). Zadaniem PCSS jest umożliwienie poznańskiemu i krajowemu środowisku naukowemu korzystania z sieci POZMAN i PIONIER oraz zasobów obliczeniowych i informacyjnych utrzymywanych w Centrum, a także prowadzenie prac badawczo-rozwojowych związanych z technologiami informacyjno-komunikacyjnymi. Struktura PCSS przedstawia się następująco:

- 1. Pion Technologii Sieciowych.**
- 2. Pion Technologii Przetwarzania Danych.**
- 3. Pion Usług Sieciowych.**
- 4. Pion Zastosowań.**
- 5. Inne jednostki organizacyjne i stanowiska.**

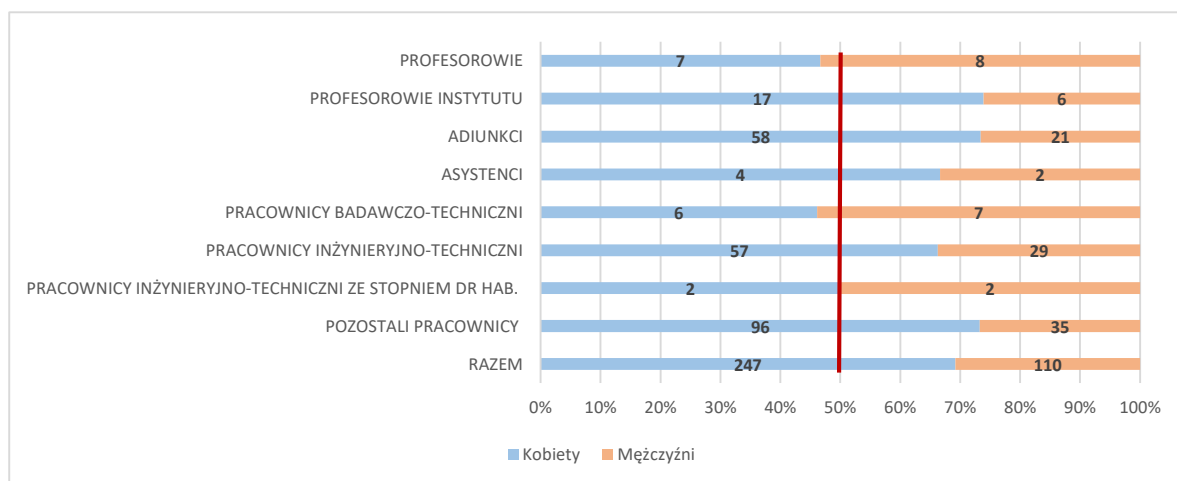
Zatrudnienie

Zgodnie ze stanem z dnia 31.12.2025 roku, w ICHB PAN pracowało 838 osób, w tym 360 kobiet. Liczba ta obejmuje: 357 pracowników i 48 doktorantów Instytutu (w tym 11 doktorantów na etatach), w sumie 394 osób oraz 444 pracowników afiliowanego przy Instytucie Poznańskiego Centrum Superkomputerowo-Sieciowego.

Wśród zatrudnionych w Instytucie było:

- 15 profesorów,
- 23 profesorów Instytutu (w tym 1 z tytułem profesora),
- 79 adiunktów (w tym 4 ze stopniem doktora habilitowanego),
- 6 asystentów (w tym 3 ze stopniem doktora),
- 234 pozostałych (w tym 13 badawczo-technicznych, 90 pracowników inżynieryjno-technicznych w Zakładach i Pracowniach, 4 z nich ze stopniem doktora habilitowanego).

Zatrudnienie średnioroczne w 2025 r. (nieuwzględniające doktorantów studium doktoranckiego i szkoły doktorskiej): Instytut – 330,63 etatu, PCSS – 387,29 etatu.



Ryc. 1. Zatrudnienie w ICHB PAN według stanowisk i płci (stan na 31.12.2025 r.)

Międzynarodowy Zespół Doradczy

Prof. Paola B. Arimondo, Institut Pasteur, Université Paris Cité, CNRS, Paryż, Francja

Prof. François Chaumont, Louvain Institute of Molecular Science and Technology, Université Catholique de Louvain, Belgia

Prof. Sandrine Etienne-Manneville, Institut Pasteur-CNRS, Paryż, Francja

Prof. Janez Plavec, Slovenian NMR Centre, National Institute of Chemistry, Ljubljana, Słowenia

Prof. Nikolaus Rajewsky, Max Delbrück Center and the Humboldt University, Berlin, Niemcy

Działalność publikacyjna

W 2025 r. pracownicy ICHB PAN opublikowali łącznie 197 prac. Dorobek ten obejmował:

- artykuły i rozprawy w czasopismach naukowych – 152, w tym 140 w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez *Journal Citation Reports*;
- materiały z konferencji zamieszczone w wykazie czasopism – 35;
- książki i rozdziały – 7;
- redakcje monografii lub podręcznika – 1;
- artykuły popularnonaukowe – 2.

Szczegółowy wykaz publikacji znajduje się na stronie 175.

Działalność naukowa

W roku sprawozdawczym w Instytucie realizowano:

- 35 tematów statutowych,
- 110 projektów finansowanych ze źródeł zewnętrznych, w tym:
 - a) 85 z Narodowego Centrum Nauki (NCN),
 - b) 11 inicjatyw międzynarodowych,
 - c) 3 projekty z Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSW),
 - d) 3 w ramach Programu Operacyjnego Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki 2021–2027 (FENG),
 - e) 3 z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej (NAWA),
 - f) 2 z Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (NCBR),
 - g) 1 z Agencji Badań Medycznych (ABM),
 - h) 1 projekt w ramach Wirtualnego Instytutu Badawczego (WIB),
 - i) 1 z Ministerstwa Edukacji Narodowej (MEN).

Szczegółowy wykaz projektów znajduje się na stronie 135.

Z kolei w Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym realizowano 90 projektów, finansowanych w ramach:

- a) 48 inicjatyw międzynarodowych,
- b) 10 projektów z Programu Operacyjnego Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki,
- c) 8 z Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego,
- d) 6 z Narodowego Centrum Badań i Rozwoju,
- e) 6 z Fundacji Rozwoju Systemu Edukacji,
- f) 3 z Krajowego Planu Odbudowy,
- g) 3 z Funduszy Europejskich dla Wielkopolski na lata 2021–2027,
- h) 2 z Agencji Badań Medycznych,
- i) 1 z Programu Operacyjnego: Fundusze Europejskie na Rozwój Cyfrowy 2021–2027 (FERC),
- j) 1 z Programu Polskiej Agencji Rozwoju Przedsiębiorczości,
- k) 1 z Ministerstwa Cyfryzacji,
- l) 1 z Narodowego Centrum Nauki,

Szczegółowy wykaz projektów PCSS znajduje się na stronie 148.

Jeden projekt był realizowany wspólnie przez Instytut i PCSS.

Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej (INTERCEPT)



Pomimo znaczących postępów naukowych i technologicznych, wyjątkowa złożoność komórkowa chorób onkologicznych pozostaje jednym z najpoważniejszych wyzwań utrudniających skuteczną diagnostykę i terapię. Pojedynczy nowotwór składa się z wielu populacji komórek, charakteryzujących się odmiennymi mutacjami somatycznymi i programami transkrypcyjnymi. Ta różnorodność sprawia, że dobór precyzyjnego i skutecznego podejścia terapeutycznego staje się wyjątkowo trudny. Pełne zrozumienie złożoności nowotworów – zarówno na poziomie pojedynczych komórek, jak i indywidualnych pacjentów – stwarza zatem ogromne możliwości poprawy skuteczności terapii onkologicznych.

Obecnie stosowane standardowe techniki diagnostyczne, oparte na łącznej analizie (ang. *bulk*) wielu komórek oraz serii oddzielnych testów, umożliwiają uzyskanie uśrednionego obrazu molekularnego choroby. Nie oddają jej pełnej różnorodności. W efekcie może dochodzić do postawienia mniej trafnych diagnoz, wyboru nieoptymalnych terapii, wydłużenia czasu leczenia oraz wzrostu kosztów opieki zdrowotnej, co stanowi obciążenie zarówno dla pacjentów, jak i całego systemu ochrony zdrowia. Kluczowe staje się więc opracowanie nowoczesnych, precyzyjnych technologii diagnostycznych, które umożliwią analizę nowotworów na poziomie pojedynczych komórek.

Choć dostępne technologie analizy pojedynczych komórek oferują ogromny potencjał, ich zastosowanie w diagnostyce klinicznej jest ograniczone przez wysokie koszty, złożoność techniczną oraz nadmiar generowanych danych, z których tylko część jest istotna dla diagnozy i doboru terapii. Projekt INTERCEPT (UoF/02-WIB-3/2023-004) ma na celu uproszczenie i udoskonalenie metod analizy pojedynczych komórek, aby mogły one stać się standardowym narzędziem w diagnostyce klinicznej. W ramach projektu zostanie opracowana innowacyjna technologia analizy wybranych genów i transkryptów w pojedynczych komórkach, niezależna od systemów mikroprzepływowych. Będzie ona stanowić podstawę do rozwoju celowanych testów diagnostycznych. Pierwsze prototypy testów zostaną stworzone z myślą o diagnostyce ostrej białaczki szpikowej (AML) oraz przewlekłej białaczki limfocytowej (CLL).

Projekt INTERCEPT jest finansowany w ramach programu Wirtualny Instytut Badawczy ze środków Funduszu Polskiej Nauki (2024–2029). Zespół badawczy, kierowany przez prof. dr. hab. Marka Figlerowicza, tworzą biolodzy, chemicy i bioinformatycy z Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk.

Platforma do projektowania, syntezy i testowania terapeutyków oraz szczepionek RNA



Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w konsorcjum z Zakładami Farmaceutycznymi Polpharma S.A. (lider) realizuje od końca 2021 roku 6-letni projekt pt. „Stworzenie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, bazującej na technologii RNA, zapewniającej bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne kraju” (ABM/2021/05/0004). Wykorzystywane jest w ten sposób wieloletnie doświadczenie Instytutu w badaniach RNA oraz możliwości produkcyjne największej w Polsce firmy farmaceutycznej. Projekt został

pozyskany w ramach, ogłoszonego przez Agencję Badań Medycznych, konkursu na rozwój innowacyjnych rozwiązań terapeutycznych z wykorzystaniem technologii RNA. Całkowita wartość projektu wynosi ponad 130 mln zł, a wysokość przyznanej dotacji 93,8 mln zł, z czego 35,2 mln to kwota przeznaczona na prace prowadzone przez Instytut. Kierownikiem merytorycznym projektu jest prof. Marek Figlerowicz.

W ramach projektu opracowywana jest platforma umożliwiająca praktyczne wykorzystanie technologii RNA do wytwarzania terapeutyków i szczepionek RNA. Platforma składa się z czterech subplatform: bioinformatycznej, chemicznej, biotechnologicznej i technologicznej. Instytut odpowiada za elementy platformy, które służą do projektowania, syntezy i testowania (w hodowlach komórkowych oraz modelach zwierzęcych) nowatorskich terapeutyków oraz szczepionek RNA.

POL-OPENSREEN 2.0 – „Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skринningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSREEN ERIC”



**Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego**

W roku 2024 w ramach programu „Wsparcie udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej”, konsorcjum, w którego skład wchodzi między innymi Instytut Biologii Molekularnej PAN w Łodzi

(lider) oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, uzyskało dofinansowanie ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego na realizację projektu pt.: POL-OPENSREEN 2.0 – „Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skринningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSREEN ERIC”.

Głównym celem projektu jest utrzymanie funkcjonalności infrastruktury badawczej wytworzonej w ramach projektu POL-OPENSREEN realizowanego w latach 2018–2023 poprzez zabezpieczenie sprawności zaawansowanej infrastruktury oraz utrzymanie możliwości efektywnego wykonywania wysokoprzepustowych badań przesiewowych w sposób wydajny i atrakcyjny dla użytkowników. Projekt zakłada również promocję oraz działania mające na celu poszerzenie zaplecza użytkowników infrastruktury i jej rozpoznawalności w celu utrzymania jej wysokiego wykorzystania przez środowisko naukowe w Polsce i zagranicą, a co za tym idzie podniesienie poziomu i konkurencyjności nauki w Polsce i Europie.

POL-OPENSREEN – Polska Platforma Infrastruktury Skринningowej dla Chemii Biologicznej



Głównym celem projektu jest identyfikacja celów molekularnych, a następnie skринing oraz weryfikacja i optymalizacja substancji biologicznie aktywnych o potencjalnym zastosowaniu w medycynie i przemyśle, z wykorzystaniem najnowszej infrastruktury badawczej. Opracowanie innowacyjnej metodyki badań do kompleksowego poszukiwania substancji biologicznie czynnych stanowi odpowiedź na wyzwania obecnych czasów jak np. potrzeba znalezienia leków na choroby nowotworowe czy też infekcje spowodowane przez lekooporne drobnoustroje (w tym epidemie wywołane nowo zmutowanymi wirusami jak COVID-19). Działania te pozwolą na skuteczną integrację nauki i przemysłu poprzez połączenie najbardziej zaawansowanej infrastruktury badawczej oraz wiedzy eksperckiej.

Projekt umożliwi rozbudowanie istniejącej infrastruktury POL-OPENSOURCE o interdyscyplinarną platformę badawczą wykorzystywaną do zwiększenia efektywności i wiarygodności procesu poszukiwania i optymalizacji biologicznie aktywnych substancji, w celu zminimalizowania fałszywych wyników negatywnych (ang. *false negative*), a przede wszystkim wyeliminowania fałszywych wyników pozytywnych (ang. *false positive*), czyli związków, które na późniejszych etapach okazują się nieskuteczne. Dzięki interdyscyplinarnemu podejściu możliwa będzie również minimalizacja skutków ubocznych kandydatów na leki już na wstępnym etapie poprzedzającym badania przedkliniczne, poprzez wczesną i dogłębną weryfikację selektywności ich działania.

Kontekst naukowy projektu stanowi proces poszukiwania leków i związków biologicznie aktywnych. Współczesna medycyna zmierza do rozwoju strategii terapeutycznych ukierunkowanych na przyczynę choroby i dopasowanych do konkretnego przypadku, stanowiąc koncept tzw. medycyny spersonalizowanej. Istotą tego procesu jest opracowanie leku, który dzięki swojej aktywności biologicznej pozwoli na spowolnienie, zahamowanie lub nawet odwrócenie procesu patologicznego u pacjentów, przy zminimalizowaniu efektów ubocznych. Kluczem do realizacji tego celu jest aktywność biologiczna kandydata na lek oraz brak interakcji z innymi procesami, które decydują o bezpieczeństwie jego stosowania.

W projekt zaangażowane są następujące jednostki wewnętrzne ICHB PAN: Centrum Biologii Chemicznej ERIC, a w tym Pracownia Chemii Medycznej (kierownik: dr Dorota Jakubczyk) i Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego (kierownik: dr Dorota Kwiatek) oraz Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów (kierownik: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN).

Projekt jest realizowany wspólnie przez Instytut Biologii Medycznej PAN (lider konsorcjum), ICHB PAN oraz Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN.

Projekt jest współfinansowany w ramach Programu Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki, Działanie 2.4 Badawcza Infrastruktura Nowoczesnej Gospodarki. Kwota dofinansowania projektu wynosi 24 831 715,68 zł (w tym dofinansowanie dla ICHB PAN: 15 649 507,20 zł). Projekt realizowany w latach 2025–2027.

ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC 3D



Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki (ECBiG) należy do strategicznych infrastruktur badawczych w kraju. Podstawową misją ECBiG jest opracowywanie, wdrażanie i komercjalizacja nowych technologii bioinformatycznych i multiomicznych, służących prowadzeniu badań naukowych oraz rozwojowi diagnostyki i terapii medycznych.

Postęp technologiczny w zakresie genomiki populacyjnej, biologii molekularnej i systemowej pozwala przełamywać bariery naukowe związane z opracowywaniem nowych, personalizowanych podejść terapeutycznych. Wciąż jednak rozwój nowych leków jest procesem kosztownym i niepewnym, a wiele potencjalnych leków nigdy nie trafia do użycia. Jednym z powodów wysokiego odsetka niepowodzeń jest niewystarczająca ilość informacji uzyskiwanych z tradycyjnych modeli stosowanych w fazie przedklinicznej badań nowych terapeutów (modele *in vitro* 2D oraz zwierzęce). Wiele terapii, które początkowo wydają się obiecujące w testach *in vitro*, nie wykazuje zamierzonego efektu *in vivo* z powodu ograniczeń w zakresie odwzorowania złożonego środowiska ludzkiej tkanki. Dodatkowo modele zwierzęce, choć bardziej złożone, często wykazują różnice międzygatunkowe, które ograniczają ich przydatność w procesie walidacji terapii przeznaczonych dla ludzi.

Wykorzystanie zwierząt wiąże się również z ograniczoną liczbą próbek oraz z szeregiem wyzwań natury etycznej i praktycznej.

Istnieje zatem potrzeba wprowadzania nowych, zaawansowanych modeli przedklinicznych oraz metod ich analiz, które pozwalałyby na lepsze, bardziej precyzyjne odzwierciedlenie procesów biologicznych i przewidywanie wyników badań klinicznych. Ulepszone modele zmniejszyłyby ryzyko zarówno odrzucenia wartościowych kandydatów na leki na wczesnym etapie, jak i inwestowania w terapię, które nie przejdą badań klinicznych. W rezultacie koszty związane z procesem rozwoju nowych leków stałyby się zdecydowanie niższe.

Odpowiedzią na te wyzwania jest infrastruktura badawcza tworzona w projekcie ECBiG-MOSAIC 3D. Będzie ona stanowiła środowisko umożliwiające uzyskiwanie zaawansowanych przestrzennych modeli układów biologicznych (*in vitro*-3D) oraz ich cyfrowych bliźniaków (*in silico*-3D), które wykorzystane zostaną w badaniach translacyjnych dotyczących chorób onkologicznych i kardiologicznych.

W ramach projektu zasoby ECBiG zostaną poszerzone nie tylko o najnowocześniejszą aparaturę do hodowli, analiz przyżyciowych oraz biobankowania komórek, ale również o unikatowe linie komórkowe wyprowadzone z materiału biologicznego pozyskanego od pacjentów z wybranymi chorobami kardiologicznymi i onkologicznymi. Stworzona zostanie także platforma usługowa wspierająca opracowywanie i wykorzystanie cyfrowych bliźniaków modeli komórkowych i tkankowych w badaniach biomedycznych.

Opracowane w ramach projektu narzędzia pozwolą na wielopoziomowe modelowanie rozwoju stanów patologicznych i efektów terapii w żywych układach komórkowych oraz w ich cyfrowych odpowiednikach, otwierając nowe możliwości w badaniach biomedycznych oraz wspierając rozwój spersonalizowanych terapii.

Projekt jest realizowany przez ICHB PAN i afiliowane przy nim Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe (2025–2028). Kierownikiem projektu jest prof. dr hab. Marek Figlerowicz. Projekt jest współfinansowany w ramach Programu Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki 2021–2027, Działanie 2.4 Badawcza Infrastruktura Nowoczesnej Gospodarki.

AgrifoodTEF – Europejskie ośrodki testowania i eksperymentowania na rzecz innowacji w sektorze rolno-spożywczym (Test and Experimentation Facilities for the Agri-Food Domain)



AgrifoodTEF to projekt współfinansowany ze środków programu ramowego Unii Europejskiej *Digital Europe* (umowa nr 101100622) oraz Funduszy Europejskich dla Nowoczesnej Gospodarki (umowa nr FENG.02.23-IP.01-0001/23).

Głównym celem projektu jest stworzenie europejskiej sieci centrów testowania i eksperymentowania, których zadaniem będzie wsparcie firm technologicznych z branży rolno-spożywczej w rozwoju rozwiązań z zakresu sztucznej inteligencji i robotyki oraz ich walidacji w rzeczywistych warunkach i na rzeczywistych obiektach.

Celem ogólnym jest wypełnienie luki pomiędzy zaawansowanymi badaniami a docelowymi produktami rynkowymi, które wspierają wydajne i zrównoważone rolnictwo, jednocześnie spełniając rygorystyczne wymagania użytkowników. Rezultatem projektu będzie zbudowanie europejskiej sieci ośrodków testowania, zapewniającej wiedzę oraz najnowocześniejszą infrastrukturę do projektowania i wdrażania metodologii testowania i eksperymentowania z wykorzystaniem sztucznej inteligencji w warunkach rzeczywistych.

Krajowa część konsorcjum projektu, w którego skład wchodzi: Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe, Sieć Badawcza Łukasiewicz – Poznański Instytut Technologiczny (lider) oraz Wielkopolski Ośrodek Doradztwa Rolniczego, stworzyli wspólnie Polskiego Satelitę tworzonej sieci jednostek TEF.

Grupę docelową projektu stanowią małe i średnie przedsiębiorstwa tworzące rozwiązania oparte o sztuczną inteligencję lub aplikacje robotyczne dla branży rolno-spożywczej. Są to np. producenci maszyn rolniczych, twórcy oprogramowania, producenci robotów rolnych, start-upy, innowatorzy oraz firmy inwestujące w B+R. Jako klienci TEF będą oni mieli dostęp do usług stanowiących kompleksowe wsparcie infrastrukturalne, umożliwiające testowanie przed wejściem na rynek złożonych i technologicznych produktów i usług. Świadczenie usług w ramach agrifoodTEF finansowane jest w ramach pomocy *de minimis* oraz środków europejskich.

Konsorcjum oferuje pełen katalog komplementarnych usług związanych m.in. z testowaniem nowoczesnych rozwiązań poprzez udostępnianie infrastruktury cyfrowej do obliczeń i symulacji oraz zapewnieniem pól i poligonów testowych dla robotyki rolniczej, dostęp do czujników, dostępu do zbiorów danych, dostępu specjalistycznej aparatury, dronów itp. Pełen katalog oferowanych usług został opublikowany na stronie projektowej (<https://agrifoodtef.eu/catalogue-of-services>).

EdgePL – Pilotażowe wdrożenie systemu węzłów brzegowych w Polsce



EdgePL – Pilotażowe wdrożenie systemu węzłów brzegowych w Polsce to przedsięwzięcie mające na celu przygotowanie, wdrożenie i przetestowanie krajowego modelu systemu węzłów brzegowych zgodnie z założeniami programu polityki UE „Droga ku cyfrowej dekadzie”.

Zgodnie z Decyzją Parlamentu Europejskiego i Rady (UE) 2022/2841, węzły brzegowe to rozproszone zdolności obliczeniowe i sieciowe ulokowane blisko użytkownika końcowego lub punktu generowania danych, umożliwiające przetwarzanie o niskim opóźnieniu i wysokiej dostępności.

W ramach przedsięwzięcia EdgePL zostaną uruchomione 32 pilotażowe węzły brzegowe o opóźnieniach poniżej 20 ms, zintegrowane z krajową siecią naukową PIONIER. Powstała infrastruktura umożliwi testowanie usług blisko użytkownika, zwiększając efektywność przetwarzania danych oraz jakość usług cyfrowych.

Przedsięwzięcie obejmuje opracowanie:

- architektury i standardów funkcjonowania systemu węzłów brzegowych,
- wymagań dotyczących integracji z krajową infrastrukturą cyfrową,
- modelu bezpieczeństwa, monitoringu i zarządzania,
- pilotażowego wdrożenia w 32 lokalizacjach,
- dokumentacji i rekomendacji dla rozwoju systemu do 2030 r.

Realizacja przedsięwzięcia stanowi fundament dla rozwoju krajowej, neutralnej klimatycznie infrastruktury edge computing i integracji z europejskimi inicjatywami dotyczącymi danych i obliczeń rozproszonych.

Koordynatorem przedsięwzięcia jest Politechnika Poznańska, a wśród jednostek współpracujących znalazły się Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk – Poznańskie Centrum Superkomputerowo-Sieciowe, Ośrodek Przetwarzania Informacji – Państwowy Instytut Badawczy oraz Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Sztucznej Inteligencji i Cyberbezpieczeństwa.

WEDROWNIQ – Polska infrastruktura satelitarnych systemów komunikacji kwantowej

WEDROWNIQ

Projekt WEDROWNIQ „Polska infrastruktura satelitarnych systemów komunikacji kwantowej” zakłada wybudowanie infrastruktury do rozwoju, analizy i integracji systemów komunikacji kwantowej działających w wolnej przestrzeni z szczególnym uwzględnieniem komunikacji w segmencie satelitarnym.

Opracowane rozwiązania będą zgodne z koncepcjami rozwoju Europejskiej Infrastruktury Komunikacji Kwantowej – EuroQCI i jej polskim segmentem siecią PIONIER-Q oraz scenariuszami wykorzystania komunikacji kwantowej dla celów rozproszonej infrastruktury metrologii oraz obliczeń kwantowych rozwijanych w inicjatywach EuroQCS.

Infrastruktura będzie ponadto umożliwiać jednocześnie rozwój klasycznych schematów satelitarnej komunikacji optycznej do celów szybkiej wymiany danych, z niskim opóźnieniem oraz zaawansowanymi metodami śledzenia ruchu satelitów. Potencjał stacji naziemnych komunikacji kwantowej wraz z towarzyszącą infrastrukturą umożliwia opracowanie nowych rozwiązań z zakresu bezpiecznych systemów komunikacji, ogólnej komunikacji kwantowej oraz komunikacji kwantowej dla rozproszonych obliczeń kwantowych.

Optyczne systemy komunikacji kwantowej dalekiego zasięgu – propagacja w wolnej przestrzeni są niezbędnymi elementami do połączenia globalnych sieci komunikacji kwantowej, jej usług (takich jak QKD) i umożliwienia przyszłych rozproszonych obliczeń kwantowych. Możliwe scenariusze wykorzystania tej technologii związane są między innymi z: fizyką badań podstawowych, sieciami kwantowymi i internetem kwantowym, precyzyjnym pozycjonowaniem i nawigacją nowej generacji w zastosowaniach cywilnych i wojskowych, systemami optycznej komunikacji w głębokiej przestrzeni kosmicznej.

Projekt WEDROWNIQ dostarczy platformę Naziemnej Stacji Optycznej (OGS ang. *Optical Ground Station*) dla satelitarnej komunikacji kwantowej (operacyjnej i eksperymentalnej), do rozwoju komunikacji optycznej w wolnej przestrzeni (komunikacja klasyczna i kwantowa). Wybudowana Infrastruktura będzie powiązana z laboratorium grawimetrii kwantowej. Ponadto infrastruktura będzie stanowić wkład do programu EuroQCI. Zostanie zintegrowana z polską Narodową Infrastrukturą QCI – PIONIER-Q (wraz z połączeniami transgranicznymi) i będzie stanowić wkład do infrastruktury komunikacji kwantowej i obliczeń kwantowych.

Dotacje, finansowanie projektów badawczych, inwestycyjnych i innych

Subwencja MNiSW – utrzymanie potencjału badawczego: 38 729 368,08 zł, w tym:

Subwencja podstawowa: 38 535 600 zł

Subwencja na finansowanie Poznańskiej Szkoły Doktorskiej: 193 768,08 zł

Dotacja MNiSW – specjalne urządzenie badawcze ECBiG: 4 339 080 zł

Stypendia MNiSW dla Wybitnych Młodych Naukowców: 64 680 zł

Projekty: 46 900 862,81 zł, w tym:

Projekty MNiSW: 1 046 720,28 zł

Projekty NCN: 17 030 054,55 zł

Projekty NCBR: 796 351,00 zł

Projekty NAWA: 330 288,07 zł

Program MNiSW Premia na Horyzoncie 2: 3 484,68 zł

Program ABM: 7 200 000 zł

Program WIB: 2 361 322,60 zł

Projekty strukturalne: 17 079 586,04 zł, w tym:

- Program Operacyjny Inteligentny Rozwój (POIR)
 - projekty badawcze: 266 773,36 zł
- Program Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki (FENG)
 - projekty badawcze: 48 791,19 zł
 - projekty infrastrukturalne: 16 764 021,49 zł

Projekty Horyzont 2020: 75 634,31 zł

Projekty Horyzont Europa: 63 916,69 zł

Projekty zagraniczne inne: 563 504,59 zł

Pozostałe: 350 000 zł.

Wpływy z tytułu dotacji na działalność oraz finansowanie projektów badawczych i inwestycyjnych w PCSS w roku 2025 wyniosły 183 134 985,08 zł (tym na dotacje na inwestycje i projekty inwestycyjne 51 502 408,07 zł). PCSS posiada wyodrębnione rachunki bankowe, na których księgowane są wszystkie wpływy i wydatki związane z jego działalnością.

Rozwój kadry naukowej

W 2025 roku z nadania Prezydenta RP, tytuł profesora w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki chemiczne, otrzymał **dr hab. Marcin K. Chmielewski**.

Stopień naukowy doktora habilitowanego uzyskały:

Anna Piasecka

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Identyfikacja metabolomicznych markerów roślin *Poaceae* oraz *Brassicaceae* w stresach abiotycznych i biotycznych

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 13.03.2025 r.

Monika Piwecka

Tytuł ocenianego osiągnięcia: Regulacja ekspresji genów na poziomie RNA w mózgu i patologiach ośrodkowego układu nerwowego

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data nadania: 14.04.2025 r.

Stopień naukowy doktora uzyskali:

Anna Wychowaniec

Tytuł rozprawy: Wieloanalitowe fluorescencyjne sondy małowymiarowe do badania biologicznie istotnego lokalnego mikrośrodowiska

Promotor: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski

Promotor pomocniczy: dr inż. Michał Jakubczyk

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 19.02.2025 r.

Data nadania: 13.03.2025 r.

Francesca Canyelles i Font

Tytuł rozprawy: Opracowanie dwuanalitowych sond fluorescencyjnych do detekcji hipoksji w modelach komórkowych

Promotor: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki chemiczne

Data obrony: 18.02.2025 r.

Data nadania: 13.03.2025 r.

Monika Kwiatkowska

Tytuł rozprawy: Genomiczna charakterystyka długich niekodujących RNA w genomie danio pręgowanego

Promotor: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN

Promotor pomocniczy: Dr. Sílvia Carbonell Sala

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 13.05.2025 r.

Data nadania: 05.06.2025 r.

Annasha Dutta

Tytuł rozprawy: Małe niekodujące RNA w regeneracji *Schmidtea mediterranea*

Promotor: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 07.07 2025 r.

Data nadania: 11.07.2025 r.

Marianna Pewińska-Kołodziejczak (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Opracowanie nowych wariantów sztucznych mikroRNA do selektywnego obniżania poziomu zmutowanego białka w podejściu terapeutycznym dla choroby Huntingtona

Promotor: prof. dr hab. Marta Olejniczak

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 23.09.2025 r.

Data nadania: 29.09.2025 r.

Piotr Jerzy Pietras

Tytuł rozprawy: Wpływ stresu abiotycznego na heterogeniczność rybosomów i regenerację komórek *Saccharomyces cerevisiae*: Analiza aktywności translacyjnej i morfologii

Promotor: dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 27.06.2025 r.

Data nadania: 11.10.2025 r.

Anna Wasilewska-Burczyk

Tytuł rozprawy: Potencjał regulatorowy krótkich RNA oddziałujących z rybosomami (rancRNA) w *Saccharomyces cerevisiae* w warunkach stresu abiotycznego

Promotor: dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 06.11.2025 r.

Data nadania: 04.12.2025 r.

Marta Sztachera (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Charakterystyka białek wiążących RNA oraz oddziaływań kolistych RNA z białkami w mózgu myszy

Promotor: dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 20.10.2025 r.

Data nadania: 04.12.2025 r.

Mateusz Nowaczyk (z wyróżnieniem)

Tytuł rozprawy: Identyfikacja procesów zaangażowanych w skracanie ciągu powtórzeń CAG w wyniku indukcji dwuniciowych pęknięć DNA w genie *HTT*

Promotor: prof. dr hab. Marta Olejniczak

Nadany przez: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

Dyscyplina: nauki biologiczne

Data obrony: 29.10.2025 r.

Data nadania: 04.12.2025 r.

Tomasz Pecyna

Tytuł rozprawy: Zastosowanie metod obliczeń kwantowych do rozwiązywania problemów optymalizacyjnych

Promotor: dr hab. inż. Rafał Różycki, prof. PP

Promotor pomocniczy: dr hab. inż. Krzysztof Kurowski

Nadany przez: Rada Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja Politechniki Poznańskiej

Dyscyplina: Informatyka techniczna i telekomunikacja

Data obrony: 15.04.2025 r.

Data nadania: 30.04.2025 r.

Hubert Świerczyński

Tytuł rozprawy: Zastosowanie techniki uczenia maszynowego w wykrywaniu i kontroli jaskry

Promotor: dr hab. inż. Szymon Szczęsny, prof. PP

Promotor pomocniczy: dr inż. Cezary Mazurek

Nadany przez: Rada Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja Politechniki Poznańskiej

Dyscyplina: informatyka techniczna i telekomunikacja

Data obrony: 09.10.2025 r.

Data nadania: 28.10.2025 r.

Kształcenie doktorantów

W 2025 roku do Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk (PSD IPAN¹) przyjęto 16 osób. Obecnie PSD IPAN liczy 97 doktorantów, przy czym zdecydowaną większość (69%) stanowią kobiety (67). Cudzoziemcy stanowią ok. 30% (29 osób) z: Chin (1), Francji (1), Hiszpanii (1), Indii (9), Iranu (2), Kamerunu (1), Libanu (1), Maroka (1), Pakistanu (3), Portugalii (1), Turcji (2), Ukrainy (4), Wielkiej Brytanii (1) i Wietnamu (1). Najwięcej doktorantów kształci się w ICHB PAN – 48 osób (ok. 49% wszystkich doktorantów PSD IPAN).

Uczestnicy innych form kształcenia

W 2025 roku 105 studentów z różnych polskich i zagranicznych uczelni (m.in. z Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Politechniki Poznańskiej, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu, Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, Uniwersytetu Ruprechta i Karola w Heidelbergu, Uniwersytetu w Utrechcie, Uniwersytetu w Warwick czy Centrum Medycznego Uniwersytetu Radboud), realizowało w laboratoriach Instytutu swoje prace magisterskie, licencjackie, odbywało praktyki, staże lub uczestniczyło w zajęciach na indywidualnym toku studiów.

Wynalazki

W 2025 r. dokonano 6 krajowych zgłoszeń wynalazków. Uzyskano 3 patenty, w tym 2 polskie i 1 europejski.

Patenty krajowe

Promotor aktywowany przez białka myb47 i myb95 oraz zawierający go system ekspresyjny

patent: 247148 z dnia 19.05.2025

zgłoszenie: P.438703 z 06.08.2021

Twórcy: S. Sarkar, A.K. Basak, K. Yamada, J. Bizan, **P. Bednarek, P. Czerniawski**

Związek niskocząsteczkowy do zastosowania w leczeniu ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 3

patent: 247748 z dnia 25.08.2025

zgłoszenie: P.440687 z 18.03.2022

Twórcy: **M. Figiel, P. Piasecki, K. Wiatr**

Patenty międzynarodowe

Method for creating a predictive model for predicting glaucoma risk in a subject, method for determining glaucoma risk in a subject using such predictive model, device for predicting glaucoma risk in a subject, computer program and computer readable medium

zgłoszenie: EP20461527 z dnia 09.04.2020

patent: EP3893248 z 21.05.2025

Twórcy: **C. Mazurek, J. Pukacki, H. Świerczyński, R.H. Wasilewicz**

¹ PSD IPAN tworzą: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Instytut Genetyki Roślin PAN; Instytut Genetyki Człowieka PAN; Instytut Fizyki Molekularnej PAN; Instytut Dendrologii PAN.

Zgłoszenia krajowe

Numer zgłoszenia krajowego: P.451953

Data zgłoszenia: 05.05.2025

Tytuł: Sztuczna sekwencja rybonukleotydowa 5'utr, sztuczna sekwencja deoksyrybonukleotydowa 5'utr ją kodująca, zastosowania sztucznej sekwencji rybonukleotydowej 5'utr, sztuczna cząsteczka kwasu rybonukleinowego i jej zastosowanie oraz sztuczna cząsteczka kwasu rybonukleinowego do zastosowania jako szczepionka

Numer zgłoszenia krajowego: P.452059

Data zgłoszenia: 16.05.2025

Tytuł: Cząsteczka kwasu nukleinowego do wyciszania ekspresji genu kodującego białko tmprss-2, kasetka ekspresyjna, wektor ekspresyjny, kompozycja farmaceutyczna, cząsteczka kwasu nukleinowego do zastosowania w terapii, cząsteczka kwasu nukleinowego do zastosowania w leczeniu i/lub profilaktyce choroby wirusowej zależnej od tmprss-2 oraz sposób *in vitro* wyciszania ekspresji genu kodującego białko tmprss-2

Numer zgłoszenia krajowego: P.452392

Data zgłoszenia: 18.06.2025

Tytuł: Amidofosforynowy związek aromatyczny, sposób jego wytwarzania, jego zastosowanie oraz związek pośredni do otrzymywania amidofosforynowego związku aromatycznego

Numer zgłoszenia krajowego P.453495

Data zgłoszenia: 16.10.2025

Tytuł: Selektywny sulfonamidowy inhibitor hydrolazy s-adenozylu-l-homocysteiny pochodzącej z patogennej bakterii, jego zastosowania oraz sposób wytwarzania

Numer zgłoszenia krajowego: P.453496

Data zgłoszenia: 16.10.2025

Tytuł: Kombinacja psylocybiny z antagonistą receptora 5-HT_{2A}

Numer zgłoszenia krajowego: P.453667

Data zgłoszenia: 06.11.2025

Tytuł: Psylocybina do zastosowań medycznych

Działalność wydawnicza

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN posiada własny Ośrodek Wydawnictw Naukowych, który w 2025 roku prowadził działalność wydawniczą, obejmującą publikację dwóch czasopism.

Kwartalnik **BioTechnologia** wydawany jest przez Instytut Chemii Bioorganicznej PAN i Komitet Biotechnologii PAN. Redaktorem naczelnym czasopisma do 30 czerwca 2024 r. był prof. dr hab. Marek Figlerowicz, a zastępcą redaktora naczelnego – dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN. Obecnie redaktorem naczelnym czasopisma jest dr hab. Edyta Kościńska, a zastępcą redaktora naczelnego – dr hab. Agata Świątkowska. Jak co roku wydano 4 numery, a ich łączny nakład wyniósł 500 egz.

Opublikowano 29 artykułów nie tylko z zakresu biotechnologii, ale również biologii obliczeniowej i bionanotechnologii. **BioTechnologia** wydawana jest w języku angielskim. Czasopismo znajduje się w Wykazie czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych oraz

wydawnictw monografii naukowych MNiSW i ma przyznane 70 pkt. Publikowane artykuły są dostępne w Internecie na zasadzie *Open Access* na platformie Termedii.



Computational Methods in Science and Technology, to kwartalnik wydawany przez OWN i PCSS. Redaktorami są prof. dr hab. Krzysztof Witold Wojciechowski, dr Maciej Stroiński i prof. dr hab. Jan Węglarz. Tematyka dotyczy metod obliczeniowych i technologii informatycznych. Artykuły są dostępne w Internecie na zasadzie *Open Access* na platformie PCSS pod adresem <http://cmst.eu/>.

Nagrody i wyróżnienia

Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane pracownikom ICHB PAN:

- Uwzględnienie w rankingu *Stanford/Elsevier – World's Top 2% Scientists 2025* prof. dr. hab. Pawła Bednarka (prestżowe zestawienie najbardziej wpływowych naukowców na świecie, przygotowywane przez zespół z Uniwersytetu Stanforda i wydawnictwo Elsevier w oparciu o dane z bazy Scopus). Na liście uwzględniającej cały dorobek naukowy wśród najczęściej cytowanych na świecie znaleźli się również: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, prof. dr hab. Ryszard Kierzek oraz prof. dr hab. Maciej Stobiecki;
- Prestżowe wyróżnienie ScholarGPS Top Scholar w dziedzinie RNA dla prof. dr hab. Marty Szachniuk. Wyróżnienie przyznawane przez ScholarGPS naukowcom, którzy należą do *top 0,5%* badaczy na świecie w swojej dziedzinie;
- Wyróżnienie SCImago Institutions Rankings (SIR) w kategorii chemia dla prof. dr hab. Ryszarda Kierzka, który uplasował się na 30. miejscu w skali kraju (9109. na świecie). W rankingu tym szczególne miejsce zajmuje również prof. dr hab. Włodzimierz Krzyżosiak, który w skali kraju w dziedzinie genetyki znalazł się na 4. pozycji (3080. na świecie);
- Wyróżnienie Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych Polskiej Akademii Nauk w 2025 r. za dokonanie naukowe pt.: „Zaproponowanie nowego modelu oddziaływań DNAzemu 8-17 z jonami metali” dla:
 - dr. Witolda Andrałowicza,
 - prof. dr. hab. Zofii Gdaniec,
 - mgr Julii Wieruszewskiej,
 - mgr Aleksandry Pawłowicz-Perczak;
- Wyróżnienie w konkursie im. prof. Włodzimierza Krzyżosiaka (Komitet Biologii Molekularnej Komórki PAN) za publikację pt. „The 8-17 DNAzyme can operate in a single active structure regardless of metal ion cofactor” opublikowaną w czasopiśmie *Nature Communications*. Autorami pracy są:

- dr Witold Andrałojć,
- prof. dr. hab. Zofia Gdaniec,
- mgr Julia Wieruszewska,
- mgr Aleksandra Pawłowicz-Perczak,
- mgr Ewa Połomska,
- dr Karol Pasternak;
- Nagroda „Diamenty Krystalograficzne” przyznana przez Komitet Krystalografii PAN za najlepsze publikacje naukowe z zakresu krystalografii autorstwa polskich badaczy dla:
 - autorów pracy opublikowanej w *IUCrJ* „*Solvent organization in ultrahigh-resolution crystal structure of crambin at room temperature*”, dr. hab. Mirosława Gilskiego, prof. dr. hab. Mariusza Jaskólskiego i wsp.;
 - autorów pracy opublikowanej w *Nucleic Acids Research* „*Antisense RNA C9orf72 hexanucleotide repeat associated with amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia forms a triplex-like structure and binds small synthetic ligand*”, dr. Leszka Błaszczyka, dr. inż. Marcina Ryczka, mgr Martyny Matei-Pluty, dr inż. Magdaleny Bejger, dr Joanny Śliwiak, dr hab. Agnieszki Kiliszek i wsp.;
- Wybór dr. Pawła Zmory na członka Community of Practice for Emergency Response on Genomics and Wastewater and Environmental Surveillance przy International Pathogen Surveillance Network (IPSN), powołanej przez Światową Organizację Zdrowia (WHO);
- Wybór prof. dr. hab. Marty Szachniuk na członka korespondenta Wydziału IV Nauk Technicznych PAN;
- Wybór prof. dr. hab. Marty Szachniuk na Honorowego Członka Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego (PTBI);
- Wyróżnienie dla prof. dr. hab. Marty Szachniuk w plebiscycie „Osobowość roku 2024” w kategorii nauka (III miejsce w województwie wielkopolskim) organizowanym przez Głos Wielkopolski;
- Nagroda JM Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia naukowe w roku 2024, dla prof. dr. hab. Marty Szachniuk i dr. hab. Macieja Antczaka;
- Nagroda Miasta Poznania za wyróżniającą się pracę magisterską i doktorską dla dr Angeliki Andrzejewskiej-Romanowskiej za dysertację pt. „*Charakterystyka dynamiki strukturalnej i funkcjonalnej genomów RNA aktywnych retrotranspozonów LTR*” (promotor pracy: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek);
- Wyróżnienie Edytorów czasopisma FEBS Open Bio dla mgr Klaudii Wójcik poprzez wybranie ilustracji (przedstawiającej jak zmiany w niekodujących RNA mogą wpływać na interakcje RNA-białko i indukować karcynogenezę), jako okładki numeru specjalnego czasopisma *FEBS Open Bio* poświęconego niekodującym RNA w nowotworach (*Non-coding RNAs in Cancer*, FEBS Open Bio, 2025, 15(9));
- Nagroda im. Włodzimierza Mozołowskiego dla dr Natalii Ziojła przyznana przez Polskie Towarzystwo Biochemiczne za najlepszą prezentację posterową podczas VI Kongresu Nauk o Życiu BIO2025;
- Stypendium wyjazdowe FEBS Summer Fellowships przyznane przez Federację Europejskich Towarzystw Biochemicznych (FEBS) dla mgr Grażyny Jamróg;
- Nagroda w konkursie RNA Salon Poznań 2025 za najciekawszą publikację doktoranta w latach 2024–2025 dla dr inż. Marty Sztachery;

- Nagroda za najlepszą prezentację podczas 15. edycji konferencji British Meiosis Meeting dla dr Mai Szymańskiej-Lejman;
- Nagroda za najlepsze wystąpienie ustne podczas Kongresu BIO2025 dla dr Mai Szymańskiej-Lejman;
- Nagrody Dyrektora ICHB PAN:
 - za najlepszą pracę doktorską obronioną w 2024 r. dla dr Angeliki Andrzejewskiej-Romanowskiej („*Charakterystyka dynamiki strukturalnej i funkcjonalnej genomów RNA aktywnych retrotranspozonów LTR*”);
 - za najlepszą pracę eksperymentalną opublikowaną w roku 2024 dla mgr Julii Wieruszewskiej, mgr Aleksandry Pawłowicz, mgr Ewy Połomskiej, dr. Karola Pasternaka, prof. dr hab. Zofii Gdaniec, dr. Witolda Andrałowicza („*The 8-17 DNAzyme can operate in a single active structure regardless of metal ion cofactor*”);
 - za najlepszą pracę przeglądową, która ukazała się w 2024 r. dla mgr. inż. Daniela Fochtmana, dr. Łukasza Marczaka, prof. dr hab. Moniki Pietrowskiej, dr hab. inż. Anny Wojakowskiej („*Challenges of MS-based small extracellular vesicles proteomics*”);
 - w konkursie o finansowanie wyjazdów zagranicznych dla doktorantów (ICHB PAN PhD Travel Grant 2025) dla:
 - mgr. inż. Adriana Tiré,
 - mgr. inż. Władysława Węgorka,
 - mgr Krishnapriya Anirudhan,
 - mgr Weroniki Pawlik.

Organizacja seminariów i konferencji naukowych

Instytutowe Seminaria Naukowe

Organizacja i prowadzenie: dr inż. Paweł Zmora (program w załączniku nr 4).

Poznański Salon RNA

Spotkania dyskusyjne poświęcone naukom o życiu, organizowane cyklicznie w Instytucie (1 spotkanie). Organizacja i prowadzenie: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (program dostępny na stronach: <https://portal.ichb.pl/rna-salon-poznan> oraz w załączniku nr 5).

VI kongres nauki o życiu BIO2025

17–20.09.2025 r. Poznań, organizatorzy: Polskie Towarzystwo Biochemiczne, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Polska Akademia Nauk, około 620 uczestników, 135 referatów + panele dyskusyjne (program w załączniku nr 6).

16. Tydzień Mózgu – konferencja naukowa

10–14.03.2025 r. Poznań, organizatorzy: Polska Akademia Nauk – Oddział w Poznaniu, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu, około 1500 uczestników, 10 referatów (program w załączniku nr 7).

„Piknik u Generała” – żywa lekcja historii w Turwi

24.05.2025 r. w Zespole Pałacowo-Parkowym w Turwi odbył się „Piknik u Generała”, upamiętniający rocznicę urodzin generała Dezyderego Chłapowskiego – jednej z najważniejszych postaci pracy organicznej, organizatorzy: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN wraz z afiliowanym przy nim Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym, około 200 uczestników (program w załączniku nr 8).

Nauka na Wakacjach

03.07–21.08.2025 r. Cykl wykładów popularnonaukowych odbywających się w okresie od lipca do sierpnia 2025 r. w Juracie. Organizacja i prowadzenie: prof. dr hab. Jan Barciszewski. Z ramienia ICHB PAN wykład wygłosiła dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN „Terapia szyta na miarę w nowoczesnym leczeniu guzów mózgu” oraz dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN „Pochodzenie Piastów – czy można je wyczytać z badań genetycznych?” około 850 uczestników, 8 referatów (program w załączniku nr 9).

Nauka na Szlaku

30.07–28.11.2025 r. wykłady w Pałacu w Turwi oraz w Miejskiej Bibliotece Publicznej w Kościanie w ramach dwóch cykli tematycznych: „Wielkopolska kolebką polskiej państwowości” oraz „Czy geny są naszym przeznaczeniem?”, z ramienia ICHB PAN prowadzone przez prof. dr. hab. Marka Figlerowicza i dr hab. Luizę Handschuh, prof. ICHB PAN; organizator: Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w ramach programu „Praca organiczna – dziedzictwo Wielkopolan” inicjatywy koordynowanej przez Pałac Gen. Dąbrowskiego w Winnej Górze; łącznie 6 referatów, około 350 uczestników.

Najważniejsze osiągnięcia

Rola transporterów ABCG w modulacji reakcji komórkowych zależnych od środowiska oraz integracji sygnałów środowiskowych z procesami rozwojowymi roślin

Uzyskane wyniki wnoszą wkład w zrozumienie ewolucji oraz funkcjonalnej adaptacji transporterów ABCG w roślinach uprawnych. Dostarczają ram teoretycznych i mechanistycznych, wyjaśniając, jak w toku ewolucji doszło do zwielokrotnienia i wyspecjalizowania transporterów ABCG w odpowiedzi na potrzeby związane z transportem hormonów i metabolitów endogennych. Przeprowadzone badania funkcjonalne transportera MtABCG40 przekładają te koncepcje na poziom fizjologii roślin, pokazując, w jaki sposób precyzyjna regulacja transportu cytokinin wpływa na architekturę systemu korzeniowego i adaptację do niedoboru azotu. Transportery ABCG stanowią kluczowe elementy integrujące sygnały środowiskowe z rozwojem roślin, otwierając nowe możliwości wykorzystania tej wiedzy w agrobiotechnologii, w tym w projektowaniu roślin o zwiększonej efektywności pobierania składników pokarmowych i lepszym dostosowaniu do zmiennych warunków życia.

Publikacje:

T. Jamruszka, J. Banasiak, A. Paweła, K. Jarzyniak, J. Xia, W. Biala-Leonhard, L. Plackova,

T. Tsering, F.R. Iacobini, O. Novak, M.M. Geisler, M. Jasinski

MtABCG40 is a cytokinin transporter that limits lateral root density and nodule formation in *Medicago truncatula*

PLANT JOURNAL 2025, 124, e70622

W. Biała-Leonhard, A. Bigos, J. Brezovsky, M. Jasinski

Message hidden in α -helices-toward a better understanding of plant ABCG transporters' multispecificity

PLANT PHYSIOLOGY 2025, 198, kiaf146

Współpraca:

Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin i Pracownia Hodowli Roślin, ICHB PAN

Zakład Ekspresji Genów, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,

Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie,

Department of Biology, University of Fribourg, Switzerland,

Laboratory of Growth Regulators, Faculty of Science, Palacky University and Institute of Experimental Botany, Czech Academy of Sciences, Czechy

Finansowanie:

project NCN SONATA nr 2023/51/D/NZ9/00883 (kierownik projektu: Wanda Biała-Leonhard)

projekt NCN OPUS nr 2020/39/B/NZ9/00784 (kierownik projektu: Michał Jasiński)

Określenie wpływu regioizomerów N7-guanozyny, N7-adenozyny oraz LNA-N7-adenozyny na trwałość termodynamiczną dupleksów RNA

N7-regioizomery purynowych nukleotydów w odmienny sposób oddziałują z komplementarnym oligonukleotydem niż ich N9-analogi. Zsyntetyzowano szereg modelowych oligonukleotydów zawierających N7-regioizomery w wybranych pozycjach dupleksów RNA i wykazano, że gdy modyfikacje te występują naprzeciwko urydyny lub cytydyny w dupleksie RNA, prowadzi to do silnej destabilizacji dupleksów RNA. Natomiast ich obecność naprzeciwko guanozyny lub adenozyiny stabilizuje otrzymane dupleksy. Określono charakter oddziaływań N7-guanozyny, N7-adenozyny oraz LNA-N7-adenozyny ulokowanych naprzeciwko guanozyny lub adenozyiny w dupleksie RNA. Wykazano tworzenie przez nie szeregu niekanonicznych wiązań wodorowych w obrębie tworzonych par zasad. Przeprowadzono badania dotyczące dynamizmu konformacyjnego oraz obecności struktur tautomerycznych w obrębie par tworzonych przez N7-regioizomery. Uzyskane wyniki mogą znaleźć zastosowanie w diagnostyce chorób i terapii opartej na RNA.

Publikacje:

I. Yildirim, **W. Andralojc**, A. Taghavi, **D. Baranowski**, **Z. Gdaniec**, **R. Kierzek**, **E. Kierzek**

Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine

NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkae1222

A. Jarmolowicz, **N. Dutta**, **W. Andralojc**, **J. Sarzynska**, **G. Framski**, **D. Baranowski**, **J. Boryski**, **A. Lahiri**, **Z. Gdaniec**, **E. Kierzek**, **R. Kierzek**

The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine: influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes

RNA 2025, 31, 86–99

Współpraca:

Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych ICHB PAN

Zakład Biomolekularnego NMR ICHB PAN

Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN

Zakład Genomiki Strukturalnej RNA ICHB PAN

Department of Biophysics, Molecular Biology & Bioinformatics, University of Calcutta, Kolkata, India
Department of Chemistry and Biochemistry, Florida Atlantic University, Jupiter, USA
Department of Chemistry, The Scripps Research Institute, Jupiter, USA
University of Calcutta, Kolkata-700009, West Bengal, India (N. Dutta, A. Lahiri)
Florida Atlantic University, 5353 Parkside Drive, Jupiter, FL 33458, USA (I. Yildirim, A. Taghavi)

Finansowanie:

projekt NCN OPUS nr 2022/45/B/ST4/03586 (kierownik projektu: Ryszard Kierzek)
statut ICHB PAN
projekt NCN OPUS nr 2020/37/B/ST4/03182 (kierownik projektu: Witold Andrałojć)
projekt NCN SONATA nr 2018/31/D/ST4/01467 (kierownik projektu: Witold Andrałojć)
subwencja MNiSW

Opracowanie panelu do ukierunkowanego sekwencjonowania wszystkich ludzkich genów miRNA

Opracowano i zwalidowano pierwszą na świecie metodę *Whole-miRNome Sequencing* (WMS) umożliwiającą ukierunkowane sekwencjonowanie wszystkich genów mikroRNA (miRNA) człowieka oraz genów związanych z ich biogenezą. WMS jest podejściem opartym na technologii NGS (ang. *next-generation sequencing*), pozwalającym na skuteczną, wysokoprzepustową i niskokosztową analizę próbek DNA o różnym stopniu degradacji, w tym wysoce zdegradowanych klinicznych materiałów archiwalnych. Zastosowanie WMS do analizy nowotworów płuc, jelita grubego, jajnika, nerki oraz raka podstawonokomórkowego skóry, pozwoliło na identyfikację 879 mutacji w genach miRNA, zlokalizowanych także w ich funkcjonalnych częściach, które są kluczowe dla rozpoznawania celów. Nowa metoda wypełnia istotną lukę badawczą, ponieważ dotychczas brakowało dedykowanych narzędzi do analizy zmienności genetycznej w obrębie genów miRNA, pomimo, że wiadomo, iż odgrywają one kluczową rolę w wielu chorobach, w tym nowotworach.

Publikacja:

P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, D. Kuznicki, N. Szostak, A. Tire, P.M. Nawrocka-Muszynska, K. Chojnacka, M. Suszynska, K. Klonowska, K. Czubak, M. Machowska, A. Philips, K. Maksin, L. Susok, M. Sand, J. Rys, J. Jura, M. Ratajska, H. Dams-Kozłowska, J. Kowalewski, M.A. Lewandowska, P. Kozłowski

Whole-miRNome sequencing: a panel for the targeted sequencing of all human miRNA genes
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf812

Współpraca:

Zakład Genetyki Molekularnej, Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN
Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN
Laboratorium Medycyny Doświadczalnej, Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny w Warszawie
Pracownia Białek Jądrowych, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Wrocławski
Akademia Nauk Stosowanych (WSHIU), Poznań
Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie, Gliwice
Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków
Zakład Patologii i Neuropatologii, Gdański Uniwersytet Medyczny
Zakład Immunologii Nowotworów, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego, Poznań
Zakład Diagnostyki i Immunologii Nowotworów, Wielkopolskie Centrum Onkologii, Poznań
Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Zakład Genetyki i Onkologii Molekularnej, Centrum Onkologii im. prof. F. Łukaszyka, Bydgoszcz
Department of Dermatology, Venereology and Allergology, Ruhr University Bochum, Niemcy
Department of Dermatology, Dortmund Hospital gGmbH and Faculty of Health, Witten/Herdecke University, Niemcy
Department of Dermatology, Venereology and Allergology, St. Josef Hospital, Ruhr University Bochum, FRG
Department of Plastic, Reconstructive and Aesthetic Surgery, St. Josef Hospital, Essen, FRG
Department of Medical Laboratory Science, University of Otago, Dunedin, Nowa Zelandia

Finansowanie:

projekt NCN MAESTRO nr 2016/22/A/NZ2/00184 (kierownik projektu: Piotr Kozłowski)
projekt NCN OPUS nr 2020/39/B/NZ5/01970 (kierownik projektu: Piotr Kozłowski)
projekt NCN SONATA nr 2020/39/D/NZ2/03106 (kierownik projektu: Paulina Gałka-Marciniak)

Badanie zmian strukturalnych i stabilności RNA indukowanych wiązaniem pochodnych naftyrydyn

Określono strukturę krystalograficzną RNA zawierającego motyw UGGAA związany z ataksją rdzeniowo-mózdkową SCA31 oraz kompleksu tego RNA z ligandem NCD (dimer karbaminianu naftyrydyny). Wykazano, że NCD tworzy bezpośrednie, niekanoniczne oddziaływania z RNA, a jego wiązanie indukuje duże i globalne zmiany struktury RNA, które przechodzi z formy typu A-RNA do formy przypominającej Z-RNA. Obserwacja ta jest unikalna i dostarcza bezcennych informacji na temat właściwości strukturalnych RNA oraz oddziaływań RNA-ligand. Ponadto NCD pełni funkcję tzw. kleju molekularnego i może być brany pod uwagę, jako czynnik ułatwiający tworzenie sieci krystalicznej, co przekłada się na poprawę jakości kryształów. Uzyskane dane eksperymentalne mogą istotnie ułatwić selekcję związków z bibliotek używanych do wysokoprzepustowych badań przesiewowych, optymalizacji małych cząsteczek oraz poprawy bioinformatycznych narzędzi do przewidywania struktury.

Publikacja:

M. Mateja-Pluta, L. Blaszczyk, M. Bejger, K. Nakatani, A. Kiliszek

Naphthyridine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and exhibits a molecular glue characteristics in crystal lattice formation
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf924

Współpraca:

Zakład Badań Strukturalnych RNA ICHB PAN
Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN
Pracownia NMR ICHB PAN
University of Osaka, Japan

Finansowanie:

projekt NCN OPUS nr 2022/45/B/NZ7/03543 (kierownik projektu: Agnieszka Kiliszek)
projekt NCN SONATA BIS nr 2017/26/E/NZ1/00950 (kierownik projektu: Agnieszka Kiliszek)

Identyfikacja zmian transkryptomicznych związanych z utratą funkcji genu *HTT* w rozwijających się neuronach w chorobie Huntingtona

Choroba Huntingtona (HD) to choroba neurodegeneracyjna spowodowana mutacją w genie *HTT*, kodującym białko huntingtynę (HTT). Jednym z wczesnych mechanizmów molekularnych leżących u podstaw patogenezy HD jest deregulacja transkrypcji. W niniejszym badaniu poszukiwano sieci RNA

i o zaburzonej regulacji, kluczowych dla początkowych zmian transkrypcyjnych w komórkach neuronalnych HD i z nokautem genu *HTT* (*HTT*-KO). Do analizy zestawu izogenicznych ludzkich neuronalnych komórek macierzystych wykorzystano sekwencjonowanie RNA. Zaobserwowano liczne zmiany w ekspresji genów i znaczne zmiany poziomu miRNA w liniach komórkowych HD i *HTT*-KO. Wspólny zestaw genów, których ekspresja była zwiększona w obydwu liniach, był wzbogacony o geny związane z wiązaniem DNA i regulacją transkrypcji. Zidentyfikowano miRNA, które mogą funkcjonować w sieci regulującej ekspresję czynników transkrypcyjnych i *HTT* poprzez pętlę sprzężenia zwrotnego. Wnioskowano, że deregulacja transkrypcji w HD we wczesnych stadiach neuronalnych jest w dużej mierze spowodowana niedoborem prawidłowo funkcjonującego białka HTT, a nie typowym mechanizmem nabycia toksycznej funkcji.

Publikacja:

E. Kozłowska, A. Ciolak, G. Adamek, J. Szczesniak, A. Fiszer

HTT loss-of-function contributes to RNA deregulation in developing Huntington's disease neurons
CELL AND BIOSCIENCE 2025, 15, 100

Współpraca:

Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN

Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN

Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych ICHB PAN

Laboratorium Specjalistyczne Genomiki CeNT, Uniwersytet Warszawski

Finansowanie:

projekt NCN SONATA nr 2015/17/D/NZ5/03443 (kierownik projektu: Agnieszka Fiszer)

projekt NCN OPUS nr 2021/41/B/NZ3/03803 (kierownik projektu: Agnieszka Fiszer)

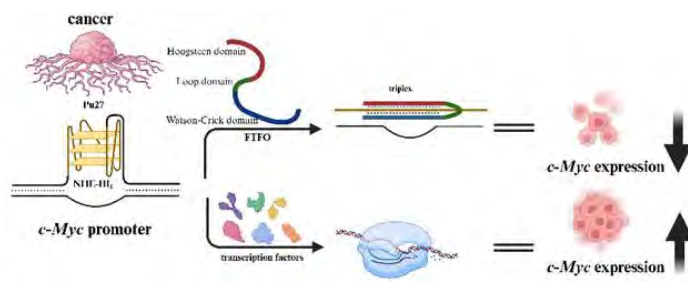
projekt NCN PRELUDIUM nr 2015/17/N/NZ2/01916 (kierownik projektu: Emilia Kozłowska)

Opracowanie narzędzi oligonukleotydowych o potencjalnym zastosowaniu w terapii przeciwnowotworowej

G-kwadrupleksy mogą działać jako regulatory transkrypcji w onkogenach. Opublikowane osiągnięcie dotyczyło oligonukleotydów FTFO tworzących potrójne helisy w wyniku oddziaływania z G-kwadrupleksami. Jest to precyzyjna alternatywa dla dobrze znanych związków niskocząsteczkowych nakierowanych na G-kwadrupleksy. Analizy fizykochemiczne i biologiczne ujawniły, że FTFO rozplatają G-kwadrupleks i hamują ten element regulatorowy onkogenu *c-myc* poprzez tworzenie niekanonicznych potrójnych helis, blokujących oddziaływanie G-kwadrupleksu z czynnikami transkrypcyjnymi. Opracowane reguły projektowania umożliwiły identyfikację FTFO, obniżających ekspresję *c-myc* w plazmidzie nawet o 80%, znacząco osłabiając wzrost i ruchliwość komórek nowotworowych oraz endogenną ekspresję *c-myc*.

Opracowano również strategię modulacji splicingu genu PKM, oparte na analizie SSO i dwufunkcyjnych BASO. Wykazano, że precyzyjne oddziaływanie oligonukleotydów z eksonem 10 skutecznie przesunęła równowagę izoform z onkogennej PKM2 na metabolicznie korzystną PKM1. Badania nad modyfikacjami chemicznymi ujawniły kluczową rolę LNA w zwiększaniu dyskryminacji niesparowań i wzmacnianiu efektu regulatorowego, przy jednoczesnym wykazaniu braku znaczenia sekwencji intronu 9 w tym procesie. Równolegle wykazano, że odpowiednio zaprojektowane BASO, zwłaszcza z modyfikacjami typu β -L-RNA i UNA, nie tylko efektywnie modulują splicing PKM, ale także wykazują silne działanie

przeciwnowotworowe, obniżając proliferację, ruchliwość i żywotność komórek nowotworowych. Opracowane narzędzia oferują obiecującą drogę do celowanej terapii przeciwnowotworowej.



Publikacje:

J. Lisowiec-Wachnicka, K. Zielinska, A. Pasternak

Highly Specific Inhibition of *c-Myc* Oncogene Expression through Shifting the G-Quadruplex toward a Triplex Structure

JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY 2025, 68, 24424–24435

N. Bartys, A. Pasternak, J. Lisowiec-Wachnicka

Modified Nucleotides in Bifunctional Antisense Oligonucleotides: Exploring their Anticancer Potential

CHEMMEDCHEM 2025, 20, e202500220

N. Bartys, J. Lisowiec-Wachnicka, A. Pasternak

Thermodynamic control of mismatch discrimination for extensive splicing regulation of PKM pre-mRNA

RNA JOURNAL 2025, 31, 475-485

Współpraca:

Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych ICHB PAN

Finansowanie:

project NCN OPUS nr 2020/37/B/NZ7/02008 (kierownik projektu: Anna Pasternak)

project NCN SONATA nr 2016/21/D/NZ5/01906 (kierownik projektu: Jolanta Lisowiec-Wachnicka)

Proteomiczna klasyfikacja odrzucania przeszczepu nerki na podstawie biopsji – identyfikacja i walidacja panelu biomarkerów wspierających diagnostykę przypadków „borderline”

W przeprowadzonych badaniach zastosowano podejście proteomiczne oparte o techniki LC-MS/MS do molekularnej klasyfikacji odrzucania przeszczepu nerki zależnego od limfocytów T (ang. *T cell-mediated rejection*; TCMR), na podstawie profilu białkowego biopsji pacjentów z różną postacią odrzutu (grupy NR, BR i AR wg Banff). Proteomiczna analiza porównawcza tych grup wykazała wyraźną zgodność przypadków „borderline” (BR) z ostrym odrzucaniem (AR), wskazując na niejednorodność BR i potrzebę wsparcia diagnostyki histopatologicznej obiektywnymi markerami. Wskazano potencjalne białka różnicujące BR od AR (m.in. GNB4 i AGXT, z AGXT jako kandydatem markera w analizie ROC) oraz białka najlepiej klasyfikujące w analizie binarnej (PDK1, CD73). Następnie wybrany panel czterech białek (GNB4, PDK1, AGXT, CD73) poddano walidacji immunohistochemicznej. Otrzymane wyniki stanowią podstawę do opracowania panelu biomarkerów, które mogą rozszerzyć rutynową ocenę biopsji i poprawić decyzje kliniczne zwłaszcza w przypadkach „borderline”.

Publikacja:

D. Kania, **D. Fochtman**, L. Skoczylas, M. Gawin, **L. Marczak**, A. Kurczyk, K. Fidyk, A. Perkowska-Ptasinska, E. Chmielnik, A. Debska-Slizien, J. Golebiewska, **A. Wojakowska**, M. Pietrowska

Biopsy proteome-based classification of T cell-mediated kidney allograft rejection
JOURNAL OF TRANSLATIONAL MEDICINE 2025, 23, 1139

Współpraca:

Zakład Proteomiki Biomedycznej, Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN
Narodowy Instytut Onkologii – Państwowy Instytut Badawczy oddział w Gliwicach
Gdański Uniwersytet Medyczny
Warszawski Uniwersytet Medyczny

Finansowanie:

projekt NCN OPUS nr 2021/43/B/NZ7/02221 (lider projektu: Justyna Gołębowska GUM; kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: Anna Wojakowska)

Nowe koliste RNA i białka wiążące RNA jako potencjalne markery i cele terapeutyczne w glejaku wielopostaciowym

W pracy przeprowadzono kompleksową analizę transkryptomu glejaka wielopostaciowego (ang. *glioblastoma*; GBM), identyfikując szeroki zestaw kolistych RNA (circRNA) oraz genów kodujących białka wiążące RNA (RBP), które mogą odgrywać kluczową rolę w progresji nowotworu. Opracowano zbiór circRNA i RBP charakterystycznych dla guzów pierwotnych i nawrotowych, a także określono ich potencjał jako markerów diagnostycznych i prognostycznych. Wykazano interakcje wybranych circRNA z białkiem FUS oraz funkcjonalnie potwierdzono udział circARID1A w zwiększaniu proliferacji komórek GBM. Połączenie danych o circRNA i RBP umożliwiło zaproponowanie nowych kryteriów stratyfikacji pacjentów, co stanowi istotny krok w kierunku bardziej precyzyjnych terapii celowanych w GBM.

Publikacja:

J. Latowska-Lysiak, Z. Zarebska, M.P. Sajek, A. Grabowska, A. Buratin, P. Glodowicz, J.O. Misiorek, K. Kuczynski, S. Bartoluzzi, M. Zywicki, J.G. Kosinski, A. Rybak-Wolf, R. Przestrzeniewicz, A.M. Barciszewska, K. Rolle

Transcriptome-wide analysis of circRNA and RBP profiles and their molecular relevance for GBM
MOLECULAR ONCOLOGY 2025, 2270-2291

Współpraca:

Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN
Berlin Institute for Medical Systems Biology (BIMSB) and Max Delbrück Center for Molecular Medicine, Berlin, FRG
Department of Molecular Medicine University of Padova, Padwa, Italy

Finansowanie:

projekt NCN OPUS nr 2017/25/B/NZ3/02173 (kierownik projektu: Katarzyna Rolle)

Całogenomowe profilowanie mutacji somatycznych w naczyniakowłókniakach i włókniakach okołopaznokciowych u pacjentów ze stwardnieniem guzowatym

Przeprowadzono całogenomowe profilowanie mutacji somatycznych w naczyniakowłókniakach (ang. *facial angiofibroma*, FAF) oraz włókniakach okołopaznokciowych (ang. *ungual fibroma*, UF) u pacjentów ze stwardnieniem guzowatym (ang. *tuberous sclerosis complex*; TSC). Przeprowadzona analiza pozwoliła zdefiniować sygnatury substytucji pojedynczych oraz podwójnych nukleotydów. Sygnatury obserwowane

w guzach FAF i UF wskazują, że guzy te rozwijają się poprzez odrębne mechanizmy patogenne, tj. mutagenезę indukowaną promieniowaniem UV w FAF i mutacje związane ze starzeniem się w UF. Nasze obserwacje dotyczące występowania powtarzających się mutacji w genie *KMT2C* sugerują, że inaktywacja genu *KMT2C* przyczynia się do patogenezy FAF w TSC.

Publikacja:

K. Klonowska, J. Lee, **M. Drzewiecki**, J.M. Grevelink, B. Boeszoermenyi, **P. Kozłowski**, J. Hanna, A.C. Laga, D.J. Kwiatkowski

TSC angiofibroma and ungual fibroma have different mutation signatures, with recurrent mutations in *KMT2C*

GENETICS IN MEDICINE 27, 101538

Współpraca:

Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN

Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN

Cancer Genetics Laboratory, Division of Pulmonary and Critical Care Medicine, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Boston, Massachusetts, USA

Boston Dermatology and Laser Center, Massachusetts General Hospital, Boston, Massachusetts, USA

Department of Pathology, Harvard Medical School and Brigham and Women's Hospital, Boston, Massachusetts, USA

Finansowanie:

FY2020 TSC Alliance Postdoctoral Fellowship Award (kierownik projektu: Katarzyna Klonowska)

Projekt NCN OPUS nr 2023/49/B/NZ5/03438 (kierownik projektu: Katarzyna Klonowska)

Engles Family Fund for Research in TSC and lymphangioleiomyomatosis (kierownik projektu: David Kwiatkowski)

Identyfikacja i charakterystyka wielojądrowych komórek wirków z gatunku *Schmidtea mediterranea* przy użyciu obrazowej cytometrii przepływowej

Komórki poliploidalne pełnią istotne funkcje w procesach rozwojowych i naprawczych u wielu gatunków. *Schmidtea mediterranea* jest organizmem modelowym w badaniach regeneracji i dotąd uwaga naukowców skupiała się na jego komórkach macierzystych, pomijając zjawisko poliploidalności i jego znaczenie. W pracy opisano nowatorskie podejście łączące obrazową cytometrię przepływową i sortowanie komórek, które umożliwiło odkrycie stabilnej populacji niezróżnicowanych komórek poliploidalnych w tym modelu. Zaproponowano, że ich biogeneza obejmuje fuzję lub endomitozę. Wy-ciszenie ekspresji genu *Agat-1* spowodowało znaczący spadek ich liczby, a analiza cytometryczna pozwoliła stwierdzić, że większość z nich zawiera białko AGAT-1. Sugeruje to, że zidentyfikowane komórki to późne progenitory epidermalne. Odkrycie komórek poliploidalnych u *S. mediterranea* stanowi pierwszy krok do ich charakterystyki funkcjonalnej oraz umożliwia lepsze zrozumienie procesów różnicowania w kontekście ewolucyjnym.

Publikacja:

A. Dutta, **A. Samelak-Czajka**, **M. Trybus**, **M. Osuch**, **A. Zaremba**, **P. Jackowiak**

Identification and characterization of planarian multinucleated cells in *Schmidtea mediterranea* using imaging flow cytometry

FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY 2025, 13, 1611516

Współpraca:

Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek ICHB PAN
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN

Finansowanie:

projekt NCN OPUS nr 2019/35/B/NZ2/02658 (kierownik projektu: Paulina Jackowiak)

Pozostałe ważne wyniki

Identyfikacja wspólnych mechanizmów molekularnych w interakcjach roślin z pożytecznymi mikroorganizmami, wspierających zrównoważone rolnictwo

J.A. LOPEZ-RAEZ, J. BANASIAK, M. BECANA, S. GOORMACHTIG, L. LANFRANCO, E. LARRAINZAR, B. LEFEBVRE, C. VENEALTE-FOURREY, F. FRUGIER

Opracowano przegląd literatury, który systematycznie podsumowuje aktualną wiedzę na temat wspólnych mechanizmów molekularnych regulujących interakcje roślin z pożytecznymi mikroorganizmami glebowymi, w tym mikoryzę arbuskularną, ektomikoryzę, symbiozę roślin bobowatych z rhizobiami oraz interakcje roślin z grzybowymi i bakteryjnymi endofitami. Praca wskazuje kluczowe mechanizmy oraz luki w wiedzy, których identyfikacja może przyczynić się do efektywniejszego wykorzystania mikroorganizmów w zrównoważonym rolnictwie, ograniczając użycie nawozów sztucznych i pestycydów oraz chroniąc bioróżnorodność i zasoby wodne. Wyniki opublikowano w *Plant Communications*.

Element bramki zewnątrzkomórkowej warunkujący specyficzność substratów transportera AtABCG36/PEN3 względem strukturalnie podobnych związków endogennych

J. XIA, A. SIFFERT, O. TORRES, F. IACOBINI, J. BANASIAK, K. PAKUŁA, J. ZIEGLER, S. ROSAHL, N. FERRO, M. JASIŃSKI, T. HEGEDŰS, M.M. GEISLER

Wskazano kluczowy element strukturalny decydujący o selektywności transporterów ABCG. Na przykładzie AtABCG36/PEN3 z *Arabidopsis* wykazano, że aminokwas L704 w zewnątrzkomórkowej hydrofobowej bramce kontroluje wyjście substratu z kieszeni centralnej i determinuje specyficzność substratów. Co więcej, dowiedziono, że rejon ten jest kontrolowany allosterycznie, co z kolei wpływa na preferencję białka względem jego dwóch strukturalnie podobnych substratów, prekursora auksyn IBA i związku obronnego kamaleksyny. Dzięki temu możliwe jest precyzyjne rozróżnianie i selekcja substratów, co pozwala roślinie na zachowanie równowagi pomiędzy procesami wzrostu a mechanizmami obronnymi. Wyniki opublikowano w *Nature Communications*.

Scharakteryzowanie SCEP3, nowego komponentu kompleksu synaptonemalnego u *Arabidopsis thaliana*

P.J. SEEAR, H.J.A. DOWLING, M. SZYMAŃSKA-LEJMAN, W. DZIEGIELEWSKI, S. DEBILIO, F.C.H. FRANKLIN, K.D. CORBETT, O.R. DAVIES, P.A. ZIÓŁKOWSKI, J.D. HIGGINS

SCEP3 to nowo zidentyfikowany komponent kompleksu synaptonemalnego (SC) u *Arabidopsis thaliana*, kluczowy dla regulacji liczby i rozmieszczenia crossing-over. Białko lokalizuje się początkowo na osiach chromosomów w postaci licznych ognisk, z których część inicjuje synapsę, a następnie przenosi się do centralnego regionu SC. Mutanty scep3 wykazują prawidłowe ustawienie homologów, lecz brak synapsy, zwiększoną liczbę CO przy końcach chromosomów oraz ich skłonność do skupiania się. SCEP3 jest

wewnętrznie nieuporządkowanym białkiem podobnym do SIX6OS1 u ssaków i SYP-4 u nicieni, co wskazuje na jego konserwatywność ewolucyjną. Wyniki opublikowano w *Nature Plants*.

Rola czynników transkrypcyjnych MYB47 i MYB95 w formowaniu ciałek retikulum endoplazmatycznego

J. BIZAN, S. SARKAR, A.K. BASAK, S. BERA, S. GOTO-YAMADA, K. ENDO, K. TARNAWSKA-GLATT, R. BATTH, K. BHARDWAJ, M. MIRZAEI, P. CZERNIAWSKI, P. BEDNAREK, K. YAMADA

Prowadzone badania wykazały, że ekspresja genów kodujących czynniki transkrypcyjne MYB47 i MYB95 jest silnie indukowana przez kwas jasmonowy, podobnie jak formowanie ciałek retikulum endoplazmatycznego (ER) w liściach. Wykazano, że uzyskane linie mutantów *myb47*, *myb95* i *myb47/95* charakteryzują się defektami w formowaniu ciałek ER. Wykazano również, że mutanty te mają istotnie obniżoną ekspresję genu kodującego myrozynazę BGLU18, która jest głównym białkiem w ciałkach ER. Badane mutanty nie wykazały natomiast defektu w biosyntezie glukozynolanów – metabolitów, które są substratami białka BGLU18. Wyniki opublikowano w *Communications Biology*.

Utrata szlaku biosyntezy tiaminy u biotroficznych patogenów grzybowych z rzędu mączniakowców (*Erysiphales*)

B. SABELLECK, M. FREH, M. LAMMERTZ, J. BROWATZKI, A-M. VLLAHO, M. PIŚLEWSKA-BEDNAREK, P. BEDNAREK, R. PANSTRUGA

Stwierdzono, że grzyby mączniaka prawdziwego roślin (obligatoryjne biotrofy) utraciły większość genów niezbędnych do biosyntezy tiaminy, co sugeruje, że są auksotroficzne dla tego mikroelementu. Wykorzystując jako obiekt badań mączniaka prawdziwego jęczmienia, *Blumeria hordei*, stwierdzono, że konidiospory zawierają wykrywalne poziomy tiaminy. Gen *THI80 B. hordei* koduje funkcjonalną pirofosfokinazę tiaminy i posiada funkcjonalny transporter tiaminy podobny do DUR31. Ponadto wykazano, że tiamina jest niezbędna do aktywności transketolazy *B. hordei*, enzymu centralnego metabolizmu węgla, o którym wiadomo, że jest zależny od tiaminy u innych organizmów. Uzyskane wyniki sugerują, że tiamina jest związkiem o charakterze witaminy dla *B. hordei*, a zatem prawdopodobnie dla wszystkich grzybów mączniaka prawdziwego. Wyniki opublikowano w *iScience*.

Deregulacja kolistych RNA w korze czołowej oraz krwi u chorych na dystrofię mięśniową DM1 i DM2

A. SRINIVASAN, D. MAGNER, P. KOZŁOWSKI, A. PHILIPS, A. KAJDASZ, P. WOJCIECHOWSKI, M. WOJCIECHOWSKA

W wyniku przeprowadzonych analiz kolistych RNA w próbkach od pacjentów z DM1 i DM2 stwierdzono globalny wzrost poziomu ekspresji tych cząsteczek RNA w tkance kory czołowej oraz pełnej krwi obwodowej, którego skala nie korelowała ani z różnicami w ekspresji genów macierzystych, ani z wcześniej opisanymi zaburzeniami alternatywnego splicingu. Sugeruje to istnienie potencjalnie niezależnego mechanizmu regulacyjnego leżącego u podstaw zwiększonej ekspresji kolistych RNA w dystrofii miotonicznej. Eksony o nieprawidłowym splicingu w liniowych transkryptach nie ulegają cyrkularyzacji, co wskazuje, że proces back-splicingu wymaga unikalnych cech genomowych. Duża heterogeniczność kolistych RNA wynika między innymi z wykorzystania w procesie ich biogenezy niekanonicznych miejsc splicingowych w egzonach i intronach. Ostatecznie ustalono, że deregulacja kolistych RNA jest immanentną cechą środowiska miotonicznego. Wyniki opublikowano w *Human Genetics*; *Molecular Therapy Nucleic Acids*; *International Journal of Molecular Sciences*; *Advances in Experimental Medicine and Biology*.

Analiza przypadku pierwszego zdiagnozowanego polskiego pacjenta ze SCA27B

A.S. HIRSCHFELD, J.O. MISIOREK, M. DĄBROWSKA, J. MUSZYŃSKI, B.J. GERHART, M. ZEŃCZAK, M. RAKOCZY, K. ROLLE, P.M. SWITONSKI, J.S. NAPIERALA, L. HANDSCHUH, M. NAPIERALA, M. BADURA-STRONKA

Opracowano i wdrożono protokół diagnostyczny umożliwiający analizę materiału od pacjentów z wydłużonym dynamicznym ciągiem powtórzeń GAA w genie *FGF14*. Mutacja ta została stosunkowo niedawno zidentyfikowana jako czynnik sprawczy ataksji rdzeniowo-mózdkowej typu 27B (SCA27B), a jej zrozumienie jest istotne dla wczesnej diagnostyki oraz monitorowania przebiegu choroby. Opracowany protokół został zastosowany w diagnostyce pierwszego w Polsce przypadku pacjenta z mutacją dynamiczną w genie *FGF14*, co pozwoliło nie tylko na precyzyjne określenie mutacji, ale również na szczegółowe opisanie klinicznego przebiegu choroby. Dodatkowo przypadek ten został omówiony w kontekście systematycznego przeglądu literatury dotyczącego objawów i fenotypów obserwowanych u pacjentów z SCA27B, co umożliwia szersze zrozumienie spektrum klinicznego tej rzadkiej jednostki chorobowej. Wdrożenie protokołu stanowi ważny krok w kierunku wdrożenia diagnostyki molekularnej SCA27B w Polsce i może służyć jako model postępowania w przyszłych badaniach kliniczno-genetycznych. Wyniki opublikowano w *Journal of Applied Genetics*.

Opracowanie strategii terapeutycznej opartej na konstruktach shRNA-AAV ukierunkowanej na powtórzenia CAG w chorobach poliglutaminowych

M. SURDYKA, Ż. KALINOWSKA-POŚKA, A. NIEWIADOMSKA-CIMICKA, E. JESION, A. FISZER, ELISABETH S. MIKOSCH, L. FIEVET, Ł. PRZYBYŁ, N. S. CARON, M.R. HAYDEN, H. P. NGUYEN, Y. TROTTIER, M. FIGIEL

Opracowano terapię genową opartą na konstruktach AAV-shRNA selektywnie ukierunkowaną na sekwencje CAG oraz o zwiększonej zdolności pokonywania bariery krew-mózg. Skuteczność i bezpieczeństwo tej strategii oceniono w białelicznych, humanizowanych modelach mysich choroby Huntingтона i ataksji rdzeniowo-mózdkowej SCA3. Terapia skutkowała znaczącą redukcją patologicznych transkryptów i agregatów białek w ośrodkowym układzie nerwowym oraz niską toksycznością w porównaniu do innych metod opartych o shRNA. Uzyskane wyniki potwierdzają potencjał terapii CAG-specyficznej, dostarczanej przez AAV zdolne do efektywnego przenikania do mózgu jako obiecującego podejścia w leczeniu chorób neurodegeneracyjnych zależnych od ekspansji powtórzeń poliglutaminowych. Wyniki opublikowano w *Molecular Therapy Nucleic Acids*.

Opracowanie protokołu *circRNA pull-down* do badań endogennych RNA wraz z oddziałującymi białkami w mózgu

M. SZTACHERA, W. WENDLANDT-STANEK, M. PIWECKA

W pracy opisano nowy protokół badawczy do przetwarzania tkanki mózgowej oraz dalszych etapów procedury związanej ze specyficznym wychwytywaniem cząsteczek kolistych RNA (*circRNA*) z homogenatów tkanki mózgu wraz z oddziałującymi z nimi makromolekułami. Protokół może być zastosowany do badania oddziaływań *circRNA*-białko oraz *circRNA*-miRNA w celu lepszego poznania mechanizmów molekularnych leżących u podstaw regulacyjnych RNA w neuronach i funkcji tych cząsteczek w fizjologii układu nerwowego. Protokół został zoptymalizowany na podstawie badania oddziaływań *circRNA* Cdr1as, który ulega wysokiej ekspresji w mózgu myszy i człowieka oraz, jak wykazano wcześniej, jest związany z regulacją poziomu glutaminy, głównego pobudzającego neuroprzekaźnika w mózgu ssaków. Do badań wykorzystano mózg myszy szczepu dzikiego oraz mózg myszy z delecją genomową locus Cdr1as, jako kontrolą. Wyniki opublikowano w *STAR Protocols*.

Opisanie insercji w chromosomie X (Xq27.1) związanej z dystrofią siatkówki i powodującej deregulację ekspresji niekodującego RNA LINC00632 i kolistego RNA CDR1as

J.C. GARDNER, K. JOVANOVIĆ, D. OTTAVIANI, U.S. MELO, J. JACKSON, R. GUARASCIO, K. ZIAKA, K.L. HAU, A. LANE, R.L. TAYLOR, N. CHAI, C. GKERTSOU, O. FERNANDO, M. PIWECKA, M. GEORGIOU, S. MUNDLOS, G.C. BLACK, A.T. MOORE, M. MICHAELIDES, M.E. CHEETHAM, A.J. HARDCASTLE

U dwóch niespokrewnionych rodzin z dziedziczną dystrofią siatkówki zidentyfikowano mutacje w tym samym rejonie, tj. insercje międzychromosomalne w specyficznym dla człowieka palindromie w pozycji Xq27.1. Zbadano konsekwencje funkcjonalne obu zidentyfikowanych wariantów strukturalnych, m.in. poprzez analizę transkryptomu w pluripotentnych komórkach macierzystych wyprowadzonych od pacjentów i dalej różnicowanych do organoidów siatkówki (RO). Ustalono, że długi niekodujący RNA LINC00632 ulega zwiększonej ekspresji w RO w przypadku obu genotypów z mutacjami w porównaniu do kontroli, podczas gdy kolisty RNA CDR1as powstający z pobliskiego *locus* genomowego ulega obniżonej ekspresji. Ujawniono obecność aktywnych wzmacniaczy dla siatkówki w obrębie insercji, w tym w promotorze dla LINC00632. Podsumowując, opisano nowy mechanizm prowadzący do tkankowo-specyficznej deregulacji LINC00632 i CDR1as w siatkówce w wyniku insercji w palindromie na Xq27.1 prowadzącej do dystrofii siatkówki. Wyniki opublikowano w *American Journal of Human Genetics*.

Referencyjna adnotacja GENCODE w erze transkryptomiki długich odczytów

J.M. MUDGE, S. CARBONELL_SALA, M. DIEKHANS, J.G. MARTINEZ, T. HUNT, I. JUNGREIS, J.E. LOVELAND, C. ARNAN, I. BARNES, R. BENNET, A. BERRY, A. BIGNELL, D. CERDÁN-VÉLEZ, K. COCHRAN, L.T. CORTÉS, C. DAVIDSON, S. DONALDSON, C. DURSUN, R. FATIMA, M. HARDY, P. HEBBAR, Z. HOLLIS, B.T. JAMES, Y. JIANG, R. JOHNSON, G. KAUR, M. KAY, R.J. MANGAN, M. MAQUEDANO, L. MARTÍNEZ GÓMEZ, N. MATHLOUTHI, R. MERRITT, P. NI, E. PALUMBO, T. PERTEGHELLA, F. POZO, S. RAJ, C. SISU, E. STEED, D. SUMATHIPALA, M-M. SUNER, B. USZCZYŃSKA-RATAJCZAK, E. WASS, Y.T. YANG, D. ZHANG, R.D. FINN, M. GERSTEIN, R. GUIGÓ, T.J.P. HUBBARD, M. KELLIS, A. KUNDAJE, B. PATEN, M.L. TRESS, E. BIRNEY, F.J. MARTIN, A. FRANKISH

GENCODE dostarcza kompleksowych referencyjnych adnotacji genów dla genomów człowieka i myszy. Postępy w sekwencjonowaniu transkryptomu z wykorzystaniem długich odczytów umożliwiły odkrycie licznych, wcześniej nieopisanych transkryptów oraz istotną poprawę istniejących modeli genowych. Doprowadziło to do znacznego rozszerzenia adnotacji długich niekodujących RNA. Dane proteomiczne oraz Ribo-seq są integrowane w celu precyzyjniejszej adnotacji sekwencji ulegających translacji, natomiast wielogenomowe porównania dostarczają dodatkowych informacji funkcjonalnych. Metody te są łączone w jednolity, zintegrowany proces adnotacji. W odpowiedzi na rosnącą złożoność zasobów opracowano zweryfikowane zestawy genów, takie jak MANE Select oraz GENCODE Primary, w celu poprawy ich użyteczności. Kluczowym wyzwaniem na przyszłość jest rozszerzenie adnotacji na wiele genomów człowieka i myszy w rozwijającej się erze pangenomu. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

RNazy III i ich domeny pomocnicze

A. SZCZEPAŃSKA, K. WÓJCIK, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK

Osiągnięcie opisuje ewolucję rybonukleaz III (RNaz III) w kontekście nabywania przez te enzymy kolejnych domen białkowych. RNazy III to endorybonukleazy specyficznie hydrolizujące wiązania fosfodiesterowe w dwuniciowych RNA (dsRNA). Enzymy te dzielą się na trzy klasy w zależności od budowy i pełnionych funkcji biologicznych. Proste RNazy klasy 1 posiadają jedną domenę RNazy III i domenę wiążącą dsRNA. W toku ewolucji enzymy te zyskiwały dodatkowe domeny, zwiększające ich powinowactwo do substratów dsRNA, precyzję cięcia i umożliwiające pełnienie bardziej złożonych funkcji. Do takich enzymów należą Drosha (klasa 2) i Dicer (klasa 3), dwie RNazy kluczowe w biogenezie mikroRNA. Oprócz klasycznych funkcji w biogenezie mikroRNA, Drosha i Dicer uczestniczą także w innych procesach komórkowych, a ich domeny pomocnicze często determinują te niekanoniczne aktywności. Obszerną część pracy poświęcono opisowi różnorodności białek typu Dicer i ich niekanonicznym funkcjom. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids and Molecular Biology*.

Możliwa rola ludzkiej rybonukleazy Dicer w regulacji pętli R

K. WÓJCIK, P. KRZEMIŃSKA, A. KURZYŃSKA-KOKORNIAK

Pętla R to trójniciowa struktura kwasów nukleinowych, która naturalnie powstaje w komórkach, głównie jako intermediat podczas replikacji lub jako produkt uboczny transkrypcji. Struktury te uczestniczą w regulacji wielu istotnych procesów komórkowych, takich jak replikacja, transkrypcja, stabilizacja centromerów, ochrona końców chromosomów czy kontrola długości telomerów. Niekontrolowane tworzenie się pętli R jest powiązane z wieloma chorobami, w tym nowotworami oraz zaburzeniami neurodegeneracyjnymi. Na podstawie dostępnych danych literaturowych oraz dotychczasowego doświadczenia badawczego opisano potencjalną rolę ludzkiej rybonukleazy Dicer w regulacji pętli R. W pracy omówiono także udział pętli R w rozwoju nowotworów oraz ich możliwe zastosowanie jako biomarkerów diagnostycznych. Zrozumienie molekularnych mechanizmów leżących u podstaw deregulacji pętli R może istotnie poszerzyć wiedzę o biologii nowotworów i wskazać nowe kierunki badań. Wyniki opublikowano w *FEBS Open Bio*.

Metabolomiczne sygnatury oporności na karfilzomib u pacjentów ze szpiczakiem mnogim

K. ŻYŁKA, M. ŁUCZAK, M. KOSTRZEWSKA-POCZEKAJ, K. BEDNAREK, A. BOLOMSKY, T. KUBICKI, M. JARMUŻ-SZYMCAK, H. LUDWIG, D. DYTFIELD

Inhibitory proteasomów, w tym karfilzomib, to jedno z częściej stosowanych leków w szpiczaku mnogim (MM). Jednak lekooporność na te terapeutyki stanowi wciąż istotny problem, czyniąc chorobę nieuleczalną. W niniejszym badaniu przeprowadzono analizę porównawczą metabolomu komórek MM opornych oraz wrażliwych na karfilzomib. Określono główne szlaki i funkcje biologiczne związane z obserwowanymi różnicami w profilach metabolomicznych pomiędzy komórkami wrażliwymi i opornymi. Wykazano podwyższoną akumulację aminokwasów oraz obniżoną akumulację kwasów tłuszczowych w komórkach opornych. Analiza funkcjonalna ujawniła zwiększone utlenianie glukozy-6-fosforanu, jako prawdopodobną przyczynę inhibicji akumulacji lipidów w liniach opornych. Predykcja bioinformatyczna wskazała kilka regulatorów: PML, ARNT i UPC1 jako odpowiedzialnych za obserwowane zmiany. Niniejsze badanie rzuciło nieco światła na mechanizm oporności na karfilzomib w MM. Wyniki opublikowano w *Journal of Applied Genetics*.

Immunologiczne znaczenie grzybów jelitowych w odpowiedzi na terapię anty-PD-1 w czerniaku

N. SZÓSTAK, M. BUDNIK, K. TOMELA, L. HANDSCHUH, A. SAMELAK-CZAJKA, B. PIETRZAK, M. SCHMIDT, M. KACZMAREK, Ł. GALUS, J. MACKIEWICZ, A. MACKIEWICZ, T. ZUO, A. PHILIPS, P. KOZŁOWSKI

Przeanalizowano związki między występowaniem grzybów jelitowych u pacjentów z czerniakiem a populacjami limfocytów podczas terapii anty-PD-1. Wzorce korelacji między mykobiotą a limfocytami różniły się w zależności od typu odpowiedzi na leczenie. W grupach klinicznych beneficjentów (CB) i niebeneficjentów (NB) *C. albicans* wykazywała przeciwstawne kierunki korelacji, co sugeruje odpowiedź immunologiczną specyficzną dla skuteczności terapii. U pacjentów CB *M. restricta* wykazywała liczne, przeważnie dodatnie korelacje z różnymi typami limfocytów, wskazując na silniejszą aktywację układu odpornościowego. Dane z badań klinicznych i modeli przedklinicznych pokazują, że zaburzenia równowagi grzybów jelitowych mogą modulować odpowiedź immunologiczną i wpływać na wyniki immunoterapii. Szczególne znaczenie przypisuje się rodzajom *Candida* i *Malassezia*, które kształtują mikrośrodowisko guza oraz regulują mechanizmy odporności gospodarza. Wyniki opublikowano w *Gut Microbes; Cancer Immunology, Immunotherapy*.

Fitokannabinoidy jako regulatory epigenetyczne w terapii glejaka wielopostaciowego

A. BARCISZEWSKA, A. BELTER, M. GIEL-PIETRASZUK, L. BARTKOWSKI, M.Z. NASKRĘT-BARCISZEWSKA

Glejak wielopostaciowy (GBM) to złośliwy i śmiertelny guz ośrodkowego układu nerwowego. Nowotworzenie, również w GBM, wynika między innymi ze zmian potencjału redoks komórki i nadprodukcji reaktywnych form tlenu, czego wskaźnikami są markery m5C oraz 8-okso-dG w DNA. Ich poziom podlega dynamicznym zmianom indukowanym przez czynniki środowiskowe i endogenne, są również wykorzystywane do oceny nowych środków terapeutycznych. Kannabinoidy, małe lipofilowe związki, są coraz częściej badane pod kątem ich właściwości przeciwnowotworowych. Wykorzystując precyzyjną metodę znakowania nukleotydów oraz cienkowarstwową analizę chromatograficzną, monitorowano wpływ CBD, THC i CFE oraz ich mieszaniny ze standardowym chemioterapeutyką TMZ, na globalne zmiany m5C i 8-okso-dG. Wykazano, że kannabinoidy stosowane samodzielnie lub w połączeniu z TMZ, hamują progresję GBM i mogą być stosowane w jego leczeniu. Zaproponowano również mechanizm działania kannabinoidów na komórki glejaka wielopostaciowego. Wyniki opublikowano w *Neuro-Oncology*.

Opracowanie tDR-quant – nowatorskiej, elektroporacyjnej metody precyzyjnego pomiaru wiązania tDR z rybosomami

K. GRZYWACZ, A. TYCZEWSKA

W komórkach drożdży krótkie RNA pochodzące z tRNA (tDR) odgrywają ważną rolę w regulacji translacji, szczególnie w warunkach stresu. Dotychczas brakowało metod pozwalających dokładnie ocenić ich wiązanie z rybosomami. Opracowana metoda tDR-quant umożliwia ilościowe badanie interakcji tDR z rybosomami *in vivo* poprzez elektroporację znakowanych tDR do sferoplastów drożdży, a następnie profilowanie polisomów. Na podstawie przeprowadzonych badań wykazano, że tDR wiążą się głównie z podjednostką 40S, ale także z 60S, monosomami i polisomami, zależnie od warunków hodowli i stężenia tDR. Wykazano, że zwiększenie ilości tDR prowadzi do hamowania syntezy białek bez zmian w profilach polisomów. Wyniki potwierdzono metodami northern blot i qRT-PCR. Odkryto także, że stopień wiązania tDR z rybosomami nie zależy bezpośrednio od ich ilości, co wskazuje na selektywność i dynamiczną regulację translacji. Wyniki opublikowano w *FEMS Yeast Research*.

Kompleksowa analiza odpowiedzi *Saccharomyces cerevisiae* na łagodny stres abiotyczny – ocena żywotności, kondycji i fizjologii komórek

P.J. PIETRAS, M. CHASZCZEWSKA-MARKOWSKA, D. GHETE, A. TYCZEWSKA, K. GRZYWACZ

Warunki środowiskowe silnie wpływają na rozwój organizmów, szczególnie jednokomórkowych, takich jak *S. cerevisiae*, które muszą szybko reagować na jego zmiany. Aby ocenić odpowiedź drożdży na łagodny stres na poziomie molekularnym, tj. ich żywotność i kondycję, przeprowadzono analizy wzrostu oraz obrazowanie komórek metodą holotomografii 3D. Wykazano, że stresy hiperosmotyczny i głodu cukrowego powodowały najszybszą regenerację i najkrótsze czasy podwojenia generacji, natomiast po stresie wysokiego pH, głodzie cukrowym i aminokwasowym obserwowano niższy poziom proliferacji. Faza stacjonarna wzrostu skracała się po stresie hipoosmotycznym i cieplnym, a wydłużała po stresie beztlenowym i po ekspozycji na UV. Holotomografia okazała się precyzyjnym narzędziem do analizy morfologii pojedynczych komórek. Zaobserwowano zmiany kształtu i objętości komórek, integralności ściany komórkowej oraz zawartości białek i lipidów, szczególnie po stresach UV i hiperosmotycznym. Wyniki opublikowano w *Fungal Genetics and Biology*.

Analiza roli krótkich RNA pochodzących z tRNA (tDR) w powstawaniu chorób związanych ze starzeniem

K. GRZYWACZ, A. RZEPCHAK, K. PLAWGO, D. SOBANSKA, A. TYCZEWSKA

Starzenie prowadzi do stopniowego osłabienia funkcji organizmu i zwiększa podatność na występowanie chorób przewlekłych związanych z wiekiem (ang. *age-related diseases*; ARD). W pracy przeprowadzono systematyczny przegląd badań dotyczących krótkich RNA pochodzących z tRNA (tDR), pełniących funkcje regulatorowe oraz ich udziału w etiologii ARD. Analizę systematyczną wykonano zgodnie z wytycznymi Cochrane i PRISMA, ostatecznie obejmując 21 publikacji dotyczących 11 chorób. Najczęściej stosowanymi w badaniach metodami były sekwencjonowanie wysokoprzepustowe i RT-qPCR, które ujawniły liczne tDR powiązane z procesami chorobowymi. Przegląd ujawnił także istotne ograniczenia badań: niejednorodną nomenklaturę tDR utrudniającą porównania, nadmierne skupienie na badaniu mechanizmów podobnych do miRNA oraz potrzebę stosowania technik sekwencjonowania pozwalających ominąć modyfikacje tRNA. Wyniki podkreślają kluczową rolę tDR w starzeniu i konieczność standaryzacji badań. Opublikowano w *Wiley Interdisciplinary Reviews-RNA*.

Określenie struktury ludzkiego długiego niekodującego RNA: RNA-PAAN i wykorzystanie jako celu nowej strategii przeciwigrypowej

I. ULANOWSKA, R. KIERZEK, E. KIERZEK, M. SOSZYŃSKA-JOŹWIAK

Wirus grypy typu A (IAV) jest groźnym patogenem o dużej zmienności genetycznej. Sezonowe szczepionki oraz obecnie stosowane lekarstwa mogą być nieskuteczne dla nowopowstałych szczepów. lncRNA gospodarza są konieczne w cyklu namnażania IAV, a mniej zmienne niż genom i białka grypy. Niezależne od interferonu, 866-nukleotydowe lncRNA – PAAN, oddziałuje z białkiem PA IAV, promując replikację. Jednak do tej pory nieznana była struktura lncRNA-PAAN i jej implikacje funkcjonalne. W pracy określono strukturę drugorzędową lncRNA-PAAN *in vitro* i w środowisku komórkowym, stosując mapowanie chemiczne, metodę SHAPE i analizę bioinformatyczną. Zdefiniowano motywy strukturalne lncRNA-PAAN skorelowane z zakażeniem IAV. Zaprojektowano oligonukleotydy antysensowe (ASO) celujące w funkcjonalne motywy strukturalne lncRNA-PAAN. Kilka ASO znacząco obniżyło poziom lncRNA-PAAN w komórkach A549 i równocześnie zahamowało namnażanie IAV. Są to pierwsze badania wykorzystujące lncRNA-PAAN jako cel w terapii antygrypowej i stanowią podstawę

dla nowej, uniwersalnej strategii leczenia grypy. Poglębiono też wiedzę o interakcjach IAV-gospodarz. Wyniki opublikowano w *Journal of Biological Chemistry*.

Określenie właściwości nowych G-kwadrupleksów RNA wirusa grypy typu A i wykazanie, że mogą być celami leków antygrypowych

M. NALEWAJ, J. ŚLIWIAK, K. ZIELIŃSKA, P. ZMORA, D. NIEDZIAŁEK, G. WIECZOREK, E. KIERZEK, M. SZABAT

G-kwadrupleksy (G4) jako struktury mogące wpływać na replikację wirusa grypy są tematem najnowszych badań i zainteresowań naukowców. W publikacji potwierdzono tworzenie kilku G4 w RNA wirusa grypy (IAV), pandemicznego szczepu A/California/04/2009 (H1N1) oraz określono ich właściwości wiązania specyficznych ligandów: TMPyP4 i BRACO-19. Badania *in vitro* na modelowych RNA oraz szereg metod biofizycznych takich jak: izotermiczna kalorymetria miareczkowa, dichroizm kołowy, spektroskopia fluorescencyjna, topnienie UV i modelowanie molekularne, potwierdziły tworzenie kompleksów G4-ligand. Zbadano również wpływ TMPyP4 na minireplikon IAV, wykazując znaczące hamowanie replikacji. Po raz pierwszy pokazano interakcje między TMPyP4 i BRACO-19 a G-kwadrupleksami RNA wirusa grypy. G4 jako istotne motywy strukturalne cyklu wirusowego mogą być potencjalnymi celami leków antygrypowych. Wyniki opublikowano w *PLoS One*.

Określenie wpływu 2-aminopuryny na replikację wirusa grypy typu A

D. LORENT, R. NOWAK, M. GAZECKA, P. ZMORA, E. LENARTOWICZ ONYEKAA

W pracy przeanalizowano wpływ inhibitora PKR, 2-aminopuryny (2-AP) na replikację i splicing mRNA wirusa grypy typu A (IAV), ze szczególnym uwzględnieniem segmentu 8, który koduje białka NS1 i NS2. Celem badania było ustalenie, czy hamowanie PKR przez 2-AP może wpływać na splicing mRNA IAV i replikację wirusa. Wyniki wykazały, że 2-AP znacząco zmniejszyło replikację wirusa w komórkach MDCK 2 i A549, szczególnie w MDCK 2, gdzie miana wirusa spadły nawet o 98%. Z kolei komórki HEK-293T, pozbawione pełnej odpowiedzi immunologicznej, wykazały jedynie niewielką redukcję, co sugeruje, że przeciwwirusowe działanie 2-AP jest powiązane z prawidłową odpowiedzią immunologiczną. Nieoczekiwanie 2-AP wykazał działanie przeciwwirusowe niezależnie od hamowania PKR, co wskazuje, że może posiadać nieznane dotąd właściwości przeciwwirusowe, które różnią się w zależności od typu komórki. Nie wykazano istotnych zmian w stosunku izoform splicingowych NS2/NS1 w komórkach MDCK 2 lub HEK-293T, jednak znaczny wzrost zaobserwowano w komórkach A549 traktowanych 2-AP. Sugeruje to unikalny wpływ 2-AP na splicing mRNA IAV w specyficznych liniach komórkowych. Podsumowując, chociaż hamowanie PKR nie zmienia bezpośrednio splicingu mRNA IAV, co początkowo zakładano, 2-AP obniża replikację wirusa i modyfikuje współczynniki splicingu w sposób specyficzny dla danej komórki. Wyniki opublikowano w *Open Life Sciences*.

Modułowa platforma oligonukleotydów sprzężonych z ligandami G-kwadrupleksów

A. ABRAHAMSSON, A. BERNER, J. GOLEBIEWSKA-PIKULA, N. CHAUDHARI, E. KESKITALO, C. LINDGERN, M.K. CHMIELEWSKI, S. WANROOIJ, E. CHORELL

Opracowano modułową platformę oligonukleotydów sprzężonych z ligandami G-kwadrupleksów (GL-Os), umożliwiającą selektywne rozpoznawanie pojedynczych struktur G4 DNA w genomie człowieka. Kluczowym elementem była synteza i systematyczna ocena łączników o zróżnicowanej długości i budowie chemicznej, łączących ligand G4 z oligonukleotydem prowadzącym. Badania biofizyczne, biochemiczne i obliczeniowe wykazały, że zoptymalizowane łączniki znacząco zwiększają

powinowactwo i stabilność wiązania docelowych G4, nawet w warunkach stresu termicznego i strukturalnego, rozszerzając zakres możliwych zastosowań terapeutycznych. Wyniki opublikowano w *Bioconjugate Chemistry*.

Nietypowy przebieg choroby przy zakażeniu wirusem mpox kład IIb linia C1

P. ZMORA, B. ROZPŁOCHOWSKI, M. GAZECKA, SZ. NOWAK, D. LORENT, A. KOWALA-PIASKOWSKA

Opisano nietypowy przypadek zakażenia wirusem mpox (MPXV; dawniej wirus małpiej ospy) u pacjenta z Polski, ze szczególnym uwzględnieniem obrazu klinicznego, charakterystyki wirusologicznej oraz filogenetycznego umiejscowienia izolatu wirusa w rozwijającej się linii C.1 kładu IIb. Celem badań była próba lepszego zrozumienia cech choroby, specyficznych dla linii MPXV oraz ewolucji wirusa w warunkach nieendemicznych. U opisywanego pacjenta wystąpiły liczne zmiany zlokalizowane na całym ciele i minimalne objawy ogólnoustrojowe. Analiza genomowa potwierdziła zakażenie linią MPXV C.1 kładu IIb, odpowiedzialną za globalne epidemie w latach 2022–2025. Zakażenie linią C.1 może prowadzić do nietypowych objawów, szczególnie u osób z prawidłową odpornością. Analiza genomu wirusa i korelacja kliniczna specyficzna dla kładu są niezbędne do trafnej diagnozy, stratyfikacji ryzyka i reagowania w zakresie zdrowia publicznego. Wyniki opublikowano w *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*.

Odkrycie związków wiążących się do enzymu PYCR1

W. RAGIN-OH, D. CZERWONKA, L.H. TRAN, G. FORLANI, M. RUSZKOWSKI

Przeprowadzono pierwsze krystalograficzne badanie przesiewowe związków niskocząsteczkowych wiążących się do PYCR1, kluczowego enzymu wspierającego progresję nowotworów. Z biblioteki 96 związków uzyskano 12 struktur kokrystalicznych z ligandami zajmującymi kieszenie P5C i NADH, w tym ligandy łączące oba miejsca. Zidentyfikowano sulfonamidy i sulfamaty jako obiecujące izostery karboksylanu oraz ujawniono kryptyczną kieszeń przy miejscu wiązania nikotynamidu. Struktury o wysokiej rozdzielczości pokazały znaczną plastyczność miejsca aktywnego, potwierdzoną symulacjami MD. Wyniki opublikowano w *Bioorganic Chemistry*.

Odkrycie inhibicji syntazy 4;1 β -alaniny przez kwas benzoesowy i kwas salicylowy

Z. LU, W. WITEK, M. RUSZKOWSKI, B. IMIOŁCZYK, N. PAULISH, J. JOSHI, M. JASKOLSKI, F. MARSOLAIS

W krystalicznej strukturze BSAS4;1 z *Phaseolus vulgaris* oprócz spodziewanego kofaktora fosforanu pirydoksalu (PLP) znaleziono niespodziewanie cząsteczkę kwasu benzoesowego w centrum aktywnym. Dalsze analizy biochemiczne oraz badania *in vitro* i *in planta* potwierdziły, że zarówno kwas benzoesowy, jak i salicylowy hamują aktywność BSAS4;1, co wskazuje na ich rolę jako naturalnych inhibitorów tego enzymu w roślinie. Kwas benzoesowy wykazywał także wpływ na biosyntezę cysteiny *in vivo*. Opublikowano w *Plant Physiology*.

Opracowanie nowych bibliotek i procedur do walidacji geometrii kwasów nukleinowych

J. CERNY, R.A. NICHOLLS, D. BRZEZINSKI, H.M. BERMAN, M. GILSKI, R.P. JOOSTEN, M. KOWIEL, C.L. LAWSON, N.W. MORIARTY, J.S. RICHARDSON, B. SCHNEIDER, C. VONRHEIN, C.J. WILLIAMS, M. JASKOLSKI, M. EGLI

W pracy ponownie oceniono standardową geometrię wartościowości stosowaną do walidacji modeli kwasów nukleinowych w bazie PDB i zaproponowano nowy schemat oceny. Opracowano trzystopniową skalę wykrywania odchył (Preferred, Allowed, Of Concern), opartą na danych referencyjnych z CSD

i PDB. Nowe podejście ma na celu poprawienie jakości przyszłych modeli kwasów nukleinowych deponowanych w PDB, zapewniając bardziej rygorystyczną i wiarygodną walidację. Wyniki opublikowano w *Nucleic Acids Research*.

Hydrożele na bazie akrylanów o właściwościach przeciwbakteryjnych

A. CHYŻY, P. GNATOWSKI, E. PIŁAT, M. SIENKIEWICZ, K. WOŹNIAK, M. WOJNICKA, K. BRZEZIŃSKI, M.E. PŁOŃSKA-BRZEZIŃSKA

W pracy przedstawiono syntezę, badania fizykochemiczne i mikrobiologiczne hydrożeli o właściwościach przeciwbakteryjnych. Zsyntetyzowane matryce metakrylanu glicydyłu i ko-metakrylanu etylu zmodyfikowane ksylitolem, zostały wypełnione grupą komercyjnie dostępnych antybiotyków. Zbadano właściwości hydrofilowe, mechanizm uwalniania antybiotyków oraz właściwości antybakteryjne otrzymanych hydrożeli wobec *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* i *Staphylococcus epidermidis*. Wyniki wskazały, że proponowany system był hydrofilowy i wydłużał czas uwalniania leków. Badania wskazują, że opisane hydrożele na bazie akrylanów są obiecującym kandydatami do opracowania opatrunków na rany. Wyniki opublikowano w *Molecules*.

Biokompatybilność borofenu w ludzkim modelu komórkowym

D. WAWRZYŃIAK, K. ZIELINKIEWICZ, E. MIJOWSKA, K. ROLLE, E. CZARNIEWSKA

Borofen jest uznawany za materiał przyszłości dzięki swoim unikalnym właściwościom fizykochemicznym i wysokiemu potencjałowi zastosowań w nowoczesnych technologiach biomedycznych. W ramach badań oceniono biokompatybilność 3-, 4- i 6-warstwowego borofenu z ludzkimi fibroblastami MRC-5, kluczową dla przyszłych zastosowań tego nanomateriału w diagnostyce, dostarczaniu leków oraz terapii borowo-neutronowej (BNCT). Wykazano, że borofen, nawet w wysokich stężeniach, nie uszkadza błony komórkowej, nie indukuje apoptozy ani nekrozy oraz nie zaburza zdolności fagocytarnych komórek. Co istotne, nanomateriał zwiększał lub utrzymywał na stałym poziomie potencjał redukcyjny fibroblastów, wspierając ich metabolizm i równowagę oksydacyjną. Wyniki potwierdzają wysoki poziom biokompatybilności borofenu i otwierają perspektywę jego wykorzystania w zastosowaniach biomedycznych, szczególnie w BNCT. Wyniki opublikowano w *European Journal of Pharmaceutical Sciences*.

RNActive: serwer służący do oceny i rankingowania modeli 3D RNA

J. PIELESIAK, M. ANTCHAK, M. SZACHNIUK, T. ZOK

RNActive to konsensusowa metoda analizy struktur 3D RNA, zaprojektowana do oceny i rankingowania wielu modeli o identycznej sekwencji. Identyfikuje wspólne pary zasad i interakcje wśród modeli wejściowych, a następnie buduje na ich podstawie konsensusową strukturę drugorzędową. Umożliwia to walidację modeli 3D, wybór najbardziej wiarygodnych predykcji oraz wspiera badania nad ewolucją struktury RNA. Narzędzie przyjmuje co najmniej dwa modele 3D RNA w formacie PDB lub PDBx/mmCIF i adnotuje je z użyciem nowoczesnych klasyfikatorów par zasad. Na podstawie tych adnotacji określa zestaw powtarzających się interakcji tworzących konserwatywne motywy przestrzenne, a następnie ocenia i porównuje modele pod kątem ich zgodności z uzyskanym konsensem. Wyniki opublikowano w *Bioinformatics*.

GraphaRNA: przewidywanie motywów 3D RNA z wykorzystaniem głębokich sieci neuronowych

M. JUSTYNA, C. ZIRBEL, M. ANTCHAK, M. SZACHNIUK

W pracy zbadano potencjał grafowych sieci neuronowych oraz probabilistycznych modeli dyfuzji z redukcją szumu w uczeniu się oddziaływań między zasadami w strukturach 3D RNA. Na podstawie tych badań opracowano model GraphaRNA do predykcji trójwymiarowej struktury RNA. Struktury RNA modelowane są jako graf w gruboziarnistej reprezentacji pięcioatomowej, a podejście oceniono na reprezentatywnym, nieredundantnym zbiorze lokalnych deskryptorów 3D RNA, obserwowanych również w strukturach niehomologicznych. Aby uniknąć wycieku danych, kluczowego dla rzetelnej oceny modelu, zastosowano podział oparty na klasyfikacji rodzin Rfam: zbiór treningowy obejmuje jedynie struktury rRNA i tRNA, natomiast zbiór testowy – wszystkie pozostałe rodziny. Uzyskane wyniki jednoznacznie pokazują, że proponowana metoda wiarygodnie przewiduje nieznane motywy 3D RNA i skutecznie respektuje ograniczenia wynikające z oczekiwanej struktury drugorzędowej zdefiniowanej przez użytkownika. Wyniki opublikowano w *Bioinformatics*.

LinkTetrado: wykrywanie motywów polinukleotydowych: pentady, heksady i inne

M. ŻURKOWSKI, M. MARUSIC, D. GUDANIS-SOBOCIŃSKA, M. SZACHNIUK

Różnorodność strukturalna kwasów nukleinowych znacznie wykracza poza kanoniczne pary zasad Watsona–Cricka, obejmując złożone motywy wyższego rzędu – triady, tetrazy, pentady i większe układy – które odgrywają istotną rolę w regulacji i stabilności genomu. Ich wykrywanie i charakteryzacja w strukturach eksperymentalnych stanowi jednak duże wyzwanie. W pracy przedstawiono LinkTetrado, narzędzie obliczeniowe umożliwiające automatyczną identyfikację i klasyfikację motywów poliadowych w strukturach 3D kwasów nukleinowych. W analizie obejmującej 529 struktur narzędzie zidentyfikowało 25 unikalnych układów zawierających takie motywy, w tym wcześniej nieopisane pentady, heksady, heptady i oktady w DNA i RNA. Przeprowadzona walidacja ręczna oraz porównanie z danymi eksperymentalnymi potwierdziły poprawność klasyfikacji i podkreśliły znaczenie łączenia dowodów eksperymentalnych z wynikami obliczeń. Wyniki opublikowano w *PLOS Computational Biology*.

Rozplątywanie RNA: metoda rozwiązywania artefaktów obliczeniowych

S. POBLETE, M. MŁYNARCZYK, M. SZACHNIUK

Metody do predykcji struktury 3D RNA często generują artefakty obliczeniowe, takie jak splątania elementów strukturalnych, które komplikują modele i prowadzą do ich wykluczenia z dalszych analiz. W pracy opracowano protokół skutecznie eliminujący tego typu artefakty przy zachowaniu ogólnego fałdowania i integralności strukturalnej modeli. Wykorzystuje on gruboziarnisty model SPQR oraz krótkie symulacje dynamiki molekularnej, nakładając ukierunkowane warunki energetyczne umożliwiające selektywne rozplątywanie bez wywoływania istotnych zniekształceń w otoczeniu modyfikowanych fragmentów. Metodę zweryfikowano na 195 splątanych modelach 3D RNA pochodzących z CASP15 i RNA-Puzzles, uzyskując skuteczność na poziomie 81% dla artefaktów jednoznacznie zaklasyfikowanych jako nieprawidłowe. Wyniki opublikowano w *PLOS Computational Biology*.

Strukturalne i termodynamiczne konsekwencje par zasad zawierających pseudourydynę oraz N1-metylopseudourydynę w dupleksach RNA

N. DUTTA, I. DEB, J. SARZYŃSKA, A. LAHIRI

W pracy podjęto badania w celu lepszego zrozumienia właściwości dupleksów RNA zawierających wewnętrzną parę m¹Ψ–A. Dodatkowo, w sposób teoretyczny pokazano efekt zastąpienia wewnętrznej pary

U–A parą $m^1\Psi$ –A oraz niedopasowań U–G, U–U i U–C odpowiednio niedopasowaniami Ψ –G, Ψ –U i Ψ –C, jak również niedopasowaniami $m^1\Psi$ –G, $m^1\Psi$ –U i $m^1\Psi$ –C w obrębie dwuniciowego RNA. Wyniki wskazują na zależną od kontekstu stabilizację oddziaływań warstwowych między zasadami przez N1-metylopseudourydynę w porównaniu z urydyną i pseudourydyną. Wyniki opublikowano w *ChemistrySelect*.

Kompleksowe zbiory danych do projektowania RNA i uczenia maszynowego

J. BADURA, A. RYBARCZYK, T. ŻOK

W pracy opracowano kompleksowy zbiór ponad 320 tys. przykładów struktur RNA opartych na danych eksperymentalnych, stanowiący nowy standard dla algorytmów projektowania i modelowania RNA. Zestaw obejmuje szczególnie trudne struktury, dla których obecne narzędzia projektowania RNA osiągają zróżnicowaną dokładność. Wykazano, że dane te mogą służyć zarówno do obiektywnej oceny algorytmów projektowania RNA, jak i do trenowania modeli uczenia maszynowego uwzględniających jednocześnie sekwencję i strukturę. Wyniki opublikowano w *Scientific Reports; RNA Design, Methods in Molecular Biology*.

ProProtein – platforma do automatycznej identyfikacji fluktuacji struktury 3D w trajektoriach dynamiki molekularnej

K. MULARSKI, D. MAKALOWSKI, M. OKONEK, D. GLEBOWSKA, M. ŚWIERCZ, K. KAMEL, J. BŁĄŻEWICZ, M. ANTCHAK, A. ŚWIERCZ

Opracowano ProProtein – innowacyjną platformę umożliwiającą w pełni zautomatyzowaną analizę fluktuacji struktury trójwymiarowej białek w trajektoriach symulacji dynamiki molekularnej (MD). Narzędzie łączy wydajne algorytmy detekcji zmian konformacyjnych z intuicyjną wizualizacją wyników, umożliwiając szybkie identyfikowanie istotnych reorganizacji strukturalnych. ProProtein eliminuje konieczność ręcznego przeglądu trajektorii MD, znacznie skracając czas analizy i zwiększając jej powtarzalność, co czyni platformę wartościowym wsparciem w badaniach nad funkcją białek, projektowaniem leków oraz analizą procesów biomolekularnych. Narzędzie jest dostępne pod adresem: <https://proprotein.cs.put.poznan.pl/>. Wyniki opublikowano w *PLOS One*.

Integracja biogospodarki w regionalnych ramach politycznych: studium przypadku województwa wielkopolskiego

E. WOŹNIAK-GIENTKA

W ostatnich latach wiele krajów i regionów zaczęło opracowywać ukierunkowane strategie i plany dotyczące biogospodarki. Koncepcja biogospodarki ewoluowała od czasu wdrożenia pierwszej strategii biogospodarki Unii Europejskiej w 2012 roku. Obecne trendy obejmują między innymi gospodarkę o obiegu zamkniętym, biotechnologię oraz zrównoważony rozwój. Artykuł analizuje miejsce biogospodarki w dokumentach strategicznych województwa wielkopolskiego jako studium przypadku oraz inicjatywy podejmowane przez samorządy lokalne w celu wsparcia jej rozwoju. W Wielkopolsce wiele strategii i planów związanych z biogospodarką opracowano po 2020 roku, zapewniając zgodność polityk regionalnych z celami polityk Unii Europejskiej. Artykuł omawia również kluczowe elementy rozwoju biogospodarki, które powinny zostać uwzględnione w strategii regionalnej. Wyniki opublikowano w *BioTechnologia*.



HR EXCELLENCE IN RESEARCH

Instytut Chemii Bioorganicznej PAN od 2016 roku posiada prestiżowe wyróżnienie HR Excellence in Research przyznawane przez Komisję Europejską. Stanowi to potwierdzenie starań Instytutu o zapewnienie naukowcom najlepszych warunków pracy i prowadzenie rekrutacji w sposób transparentny i zgodny z wytycznymi „Europejskiej Karty Naukowca i Kodeksu Postępowania przy Rekrutacji Naukowców”.

W kwietniu 2025 r. Komisja Europejska poinformowała ICHB PAN o otrzymaniu od recenzentów oceniających stan wdrożenia polityki HR Excellence w Instytucie podczas wizyty „Site Visit” przeprowadzonej w 2024 r., dokument określany mianem „Consensus Report”. W dokumencie tym wyrażono akceptację dla propozycji wysuniętych przez Instytut, dotyczących wdrożenia zaleceń komisji wizytującej, przedstawiono też dalsze zalecenia na kolejne lata. Tym samym zamknięty został pierwszy cykl raportowy dla wyróżnienia HR Excellence przyznanego ICHB PAN. Instytut ugruntował tym samym swoją pozycję jednostki naukowej spełniającej najwyższe standardy warunków pracy dla osób prowadzących badania naukowe. W roku 2025 odbyły się ponadto planowe spotkania Grupy Roboczej ds. HR Excellence w ICHB PAN, podczas których powołano nowych członków z ramienia PCSS, dokonano wyboru nowej przewodniczącej, a także wytyczono wstępny plan działania na przyszłość.

W ramach realizacji strategii HRS4R, w roku 2025 zostały zorganizowane między innymi następujące działania:

- szkolenie „Etyka w badaniach” w języku polskim i angielskim dla doktorantów, pracowników ICHB PAN oraz PCSS,
- szkolenie „Jak skutecznie aplikować o granty ERC” w języku polskim, dla pracowników ICHB PAN i PCSS, przeprowadzone we współpracy z Krajowym Punktem Kontaktowym Programów Badawczych UE,
- szkolenie „Leadership and Management Skills Course for PIs” w języku angielskim, przeprowadzone przez firmę HPF Consulting,
- ogłoszono i rozstrzygnięto pierwszą edycję konkursu na wewnętrzne dofinansowanie wyjazdów zagranicznych, tzw. „Travel Grants”, wspierających mobilność doktorantów,
- uzyskano finansowanie dwóch projektów z Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej: „NAWA EURAXESS Wielkopolska One region, wide horizons”- na wspieranie pozyskiwania i utrzymania cudzoziemców-naukowców w Wielkopolsce oraz „NAWA PROM – Krótkookresowa wymiana akademicka” – na mobilności zagraniczne dla pracowników ICHB PAN oraz naukowców zagranicznych.

Działalność edukacyjna, popularyzatorska i kulturalna ICHB PAN w Zespole Pałacowo-Parkowym w Turwi



PAŁAC W TURWI

1770

Zespół Pałacowo-Parkowy w Turwi jest własnością Instytutu Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk od października 2022 r. Od tego czasu ICHB PAN konsekwentnie realizuje działania zmierzające do przywrócenia obiektowi jego historycznego znaczenia oraz właściwego miejsca w przestrzeni naukowej i kulturowej regionu. W 2025 roku ICHB PAN kontynuował intensywną działalność kulturalną, edukacyjną i naukowo-popularyzatorską w Pałacu w Turwi.

ICHB PAN jest aktywnym członkiem Szlaku Pracy Organicznej – inicjatywy Samorządu Województwa Wielkopolskiego, koordynowanej przez Pałac w Winnej Górze. Jednym z przedsięwzięć zorganizowanych przez ICHB PAN w ramach Szlaku Pracy Organicznej był **festyn rodzinny „Piknik u Generała”**, który odbył się 24 maja 2025 r. z okazji urodzin gen. Dezyderego Chłapowskiego. Program wydarzenia obejmował m.in. pokaz mody historycznej w wykonaniu Fashion School z Poznania, prelekcję Muzeum Historii Ubioru, występy zespołu „Turewianki” oraz Zespołu Tańca Ludowego „Poznań AWF”. Zwiedzanie pałacu wzbogacono o scenki rodzajowe przygotowane przez Stowarzyszenie Teatralne Legion z Kórnik. Dodatkowymi atrakcjami były widowiskowa partia szachów według projektu Marii Romany Gierczyńskiej, gry plenerowe, terenowa gra historyczna, fotobudka oraz strefa gastronomiczna przygotowana przez Koło Gospodyń Wiejskich z Turwi. Od września do końca listopada 2025 r. Pałac w Turwi był jednym z miejsc realizacji projektu **„Nauka na Szlaku”**, w ramach którego zorganizowano dwa cykle wykładów: „Wielkopolska kolebką polskiej państwowości” oraz „Czy geny są naszym przeznaczeniem?”. Łącznie, podczas siedmiu spotkań w Pałacu oraz w Bibliotece Miejskiej w Kościanie, zaprezentowano dwanaście wykładów popularnonaukowych.

Istotnym elementem działalności była współpraca z innymi ośrodkami naukowymi. Przykładem była prelekcja **„Piramidy z Wyskoci”** (15 listopada 2025 r.), zorganizowana we współpracy z Zespołem Parków Krajobrazowych Województwa Wielkopolskiego oraz Wydziałem Archeologii UAM i Muzeum Archeologicznym w Poznaniu, poświęcona neolitycznej kulturze pucharów lejkowatych i badaniom megalitycznego grobowca w Wyskoci. W wydarzeniu uczestniczyło około 150 osób.

W 2025 r. kontynuowano regularne zwiedzanie pałacu, kaplicy i parku z przewodnikiem. Z oferty skorzystali zarówno turyści indywidualni, jak i liczne grupy zorganizowane, m.in. fundacje, kluby seniora, oddziały PTTK, szkoły oraz uczestnicy wydarzeń powiatowych.

Po raz pierwszy zorganizowano także **dzień otwarty w okresie szczytu kwitnienia śnieżycy wiosennej w parku pałacowym** (15 marca 2025 r.), który przyciągnął około 600 osób.

W maju 2025 r. Pałac w Turwi włączył się po raz pierwszy w ogólnopolską inicjatywę **„Noc Muzeów”** (17 maja). Dzięki scenkom teatralnym prezentowanym przez aktorów Stowarzyszenia Teatralnego Legion z Kórnik zwiedzający mogli poznać historię pałacu z perspektywy jego dawnych mieszkańców. Wydarzenie zgromadziło ponad 500 osób.

Dużym zainteresowaniem cieszyło się **Nocne Zwiedzanie Powiatu Kościańskiego** (2 sierpnia 2025 r.), którego częścią było zwiedzanie Pałacu, w którym wzięło udział około 400 osób.

W Pałacu można obejrzeć **stałą wystawę „Organiczniczki i Organicznicy z Turwi. Wirtualna wystawa eksponatów i pamiątek związanych z kolebką Pracy Organicznej (Etap 1) – Komnata Pamięci”**. W holu głównym na pierwszym piętrze zainstalowany jest multimedialny totem umożliwiający przeglądanie zdigitalizowanych pamiątek (fotografii, dokumentów i listów) pozyskanych od rodzin Chłapowskich i Morawskich i udostępnionych równocześnie w Repozytorium Cyfrowym Instytutów Naukowych. Uzupełnieniem wystawy jest film poświęcony organicznikom i organiczniczkom z Turwi, stale prezentowany w gabinecie pałacowym. Wernisaż wystawy oraz premiera filmu odbyły się 5 grudnia 2024 r.



Pałac aktywnie współpracował z lokalnymi szkołami i przedszkolami, organizując warsztaty i zajęcia tematyczne dla dzieci i młodzieży, m.in. warsztaty gwary poznańskiej, spacerów edukacyjnych po parku oraz zajęcia poświęcone działalności gen. Chłapowskiego i historii krajobrazu kulturowego.

Obiekt gościł również wydarzenia sportowo-rekreacyjne, takie jak rajdy rowerowe Szlakiem Pracy Organicznej oraz zlot samochodów klasycznych. Odbywały się tu także spotkania środowiskowe, m.in. wielkanocne spotkanie Klubu Seniora „Złota Jesień” oraz Spotkanie 17 Poznańskiej Drużyny Harcerskiej im. gen. Dezyderego Chłapowskiego.

W grudniu 2025 roku Pałac w Turwi został wyróżniony certyfikatem **„Miejsce Ciekawe”** Polskiej Sieci Odnowy i Rozwoju Wsi, co stanowi formalne uznanie walorów historycznych, kulturowych i społecznych naszego obiektu oraz jego aktywnej roli w promocji lokalnego dziedzictwa. To wyróżnienie podkreśla znaczenie Pałacu jako atrakcyjnego i wartościowego miejsca na mapie turystycznej regionu oraz wspiera jego dalszy rozwój w ramach inicjatyw społecznych i turystycznych.

Zwieńczeniem roku było **uroczyste otwarcie wyremontowanego przyziemia Pałacu w Turwi** (12 grudnia 2025 r.), zrealizowane dzięki wsparciu Fundacji Most the Most w ramach programu „Nasz Zabytek”. W wydarzeniu uczestniczyli przedstawiciele władz lokalnych oraz liczni goście. Uroczystość uświetnił występ Poznańskiego Chóru Kameralnego PAN oraz projekcja filmu „Mury mówią – czyli historia przyziemia Pałacu w Turwi” w reżyserii dr Magdaleny Baranowskiej-Szczepańskiej (PCSS). Towarzyszył temu wernisaż wystawy fotografii ukazującej codzienne życie w Pałacu sprzed stu lat, przygotowanej przez Arkadiusza Margrafa (PCSS), Sylwię Sobczyk i Agnieszkę Konrad.

Tematy statutowe realizowane w roku 2025

1. Zakład Biomolekularnego NMR
Kierownik: dr Witold Andrałojć
Temat: *Badania struktury, dynamiki i oddziaływań kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR (M)*
2. Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Kierownik: prof. dr hab. Paweł Bednarek
Temat: *Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej roślin (K)*
3. Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Kierownik: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania strukturalne makromolekuł oraz małowcząsteczkowych związków bioaktywnych (K)*
4. Zakład Chemii Biopolimerów
Kierownik: prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski
Temat: *Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów (K)*
5. Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Kierownik: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
Temat 1: *Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych (K)*
Temat 2: *Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek (K)*
6. Zakład Biotechnologii Medycznej
Kierownik: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN
Temat: *Biologia RNA w chorobach neurodegeneracyjnych (K)*

Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych (dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN), afiliowana przy Zakładzie Biotechnologii Medycznej
Temat: *Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (K)*
7. Pracownia Chemii Medycznej
Kierownik: dr Dorota Jakubczyk
Temat: *Projektowanie oraz otrzymywanie związków chemicznych o potencjalnych właściwościach biologicznych (K)*
8. Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin
Kierownik: prof. dr hab. Michał Jasiński
Temat: *Badania mechanizmów transportu związków niskocząsteczkowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych (K)*
9. Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Kierownik: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
Temat: *Uniwersalne elementy strukturalne RNA wirusów (K)*

10. Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Kierownik: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
Temat: *Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych* (K)
11. Zakład Badań Strukturalnych RNA
Kierownik: dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł* (K)
12. Zakład Genetyki Nowotworów
Kierownik: dr Katarzyna Klonowska
Temat: *Analiza genomowa w celu rozpoznania patogenezы chorób człowieka o podłożu genetycznym* (K)
13. Zakład Genetyki Molekularnej
Kierownik: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
Temat: *Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych* (K)
14. Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Kierownik: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN
Temat: *Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy* (K)
15. Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego
Kierownik: dr Dorota Kwiatek-Rożek
Temat: *Opracowywanie i rozwój narzędzi i testów molekularnych* (M)
16. Zakład Proteomiki Biomedycznej
Kierownik: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN
Temat: *Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych* (K)
17. Zakład Biologii Medycznej
Kierownik: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska
Temat: *Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii* (K)
18. Zakład Inżynierii Genomowej
Kierownik: prof. dr hab. Marta Olejniczak
Temat: *Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności* (K)

Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych (prof. dr hab. Eliza Wyszko), afiliowana przy Zakładzie Inżynierii Genomowej
Temat: *Badanie potencjału terapeutycznego wybranych związków małocząsteczkowych w leczeniu chorób neurodegeneracyjnych* (N)
19. Zakład Struktury i Funkcji RNA
Kierownik: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów* (K)

20. Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych
Kierownik: prof. dr hab. Anna Pasternak
Temat: *Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym* (K)
21. Zakład Niekodujących RNA
Kierownik: dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN
Temat: *Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków* (K)
22. Zakład Neuroonkologii Molekularnej
Kierownik: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN
Temat: *Rola RNA w mechanizmach inwazji komórek nowotworowych guzów mózgu* (K)

Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych (dr Łukasz Przybył), afiliowana przy Zakładzie Neuroonkologii Molekularnej
Temat: *Immunologia w badaniach przedklinicznych* (K)
23. Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów
Kierownik: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN
Temat: *Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych* (K)
24. Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych
Kierownik: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN
Temat: *Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów* (K)
25. Zakład Bioinformatyki Strukturalnej
Kierownik: prof. dr hab. Marta Szachniuk
Temat: *Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej* (K)
26. Zakład Biologii Komórek Nerwowych
Kierownik: dr inż. Paweł Świtoński
Temat: *Badania mechanizmów odpowiedzialnych za selektywną dysfunkcję neuronów w chorobach neurodegeneracyjnych* (K)
27. Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA
Kierownik: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN
Temat: *Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców* (K)
28. Zakład Chorób Rzadkich
Kierownik: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN
Temat: *Poszukiwanie nowych biomarkerów i podejść terapeutycznych w chorobach rzadkich człowieka* (K)
29. Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju
Kierownik: dr Ewa Woźniak-Gientka
Temat: *Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne* (K)

30. Zakład Wirusologii Molekularnej

Kierownik: dr inż. Paweł Zmora

Temat: *Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza* (K)

31. Zakład Genomiki Roślin

Kierownik: dr hab. Agnieszka Żmienko, prof. ICHB PAN

Temat: *Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych* (K)

(K) – temat kontynuowany, (M) – temat modyfikowany, (N) – temat nowy

Informacja o wykorzystaniu dotacji na finansowanie kosztów związanych z utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego (SPUB)

W roku sprawozdawczym działalność podstawową pracowni ICHB PAN wspierała dotacja podmiotowa na utrzymanie specjalnego urządzenia badawczego (SPUB) przyznana na lata 2024–2026. Dotacja w wysokości blisko 12 mln zł pozwoliła na utrzymanie aparatury naukowo-badawczej Europejskiego Centrum Bioinformatyki i Genomiki (ECBiG). W ramach ECBiG w roku 2025 działało 11 specjalistycznych pracowni ICHB PAN: Pracownia Genomiki, Pracownia Spektrometrii Mas, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych, Pracownia NMR, Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek, Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych, Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych, Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych, Pracownia Bioinformatyki, Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek oraz Pracownia Hodowli Roślin.

Ze środków dotacji w roku 2025 dokonano napraw i konserwacji sprzętu za łączną kwotę około 951 tys. zł. Na zakup materiałów eksploatacyjnych (gazy, plastiki i inne materiały zużywalne) oraz odczynników niezbędnych do przeprowadzenia rutynowych testów i konserwacji aparatury wydano około 358 tys. zł. Pokryto także częściowo koszty wynagrodzeń pracowników technicznych, za łączną kwotę około 1 mln 23 tys. zł. Łącznie, od momentu przyznania dotacji, Instytut wydatkował już ponad 3,8 mln zł środków.

Zgodnie z ogólnymi zasadami przyjętymi przez ICHB PAN, ECBiG wspierało grupy badawcze z Instytutu oraz inne jednostki badawcze w Polsce, głównie na zasadzie współpracy naukowej. Urządzenia znajdujące się na wyposażeniu ECBiG były wykorzystywane do realizacji wielu zadań i projektów, których szczegółowe zestawienia znajdują się w sprawozdaniach poszczególnych pracowni.

Opis działalności naukowej

Zakład Bioinformatyki Strukturalnej



Kierownik Zakładu:

prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk (1 STATUT)²

Skład osobowy³

Pracownicy techniczni:

dr hab. inż. Maciej Antczak (0,33 STATUT)

dr inż. Marcin Radom (0,33 STATUT)

dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk (0,33 STATUT)

dr Joanna Sarzyńska (1 STATUT)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

prof. dr hab. inż. Jacek Błazewicz

dr Mariusz Popena

Temat statutowy Zakładu

Modele i algorytmy w bioinformatyce strukturalnej (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie protokołu do eliminacji splątań elementów strukturalnych w modelach 3D RNA przy zachowaniu oczekiwanego fałdowania oraz integralności strukturalnej. Opracowanie narzędzia *LinkTetrado* służącego do identyfikacji i klasyfikacji multimerycznych zespołów nukleotydów w strukturach kwasów nukleinowych. Opracowanie serwera obliczeniowego *RNAive* pozwalającego na bezreferencyjną ocenę i rankingowanie modeli 3D RNA w kontekście kompromisowej struktury drugorzędowej. Opracowanie modelu uczenia maszynowego *GraphaRNA* pozwalającego na wiarygodne przewidywanie motywów 3D RNA oraz stworzenie reprezentatywnego, nieredundantnego zbioru treningowego i testowego *RNA3Desc* pozwalającego na dalszy rozwój metod uczenia maszynowego dla problemu predykcji struktur 3D RNA. Przewidywanie *in silico* struktur 3D RNA zgłaszanych w VI rundzie konkursu RNA-Puzzles realizowanej w roku 2025 (łącznie 11 wyzwań PZ50-51, PZ59-61, PZ63-66, PZ72-73).

Opis zrealizowanych prac

Opracowano protokół do eliminacji splątań i przetestowano go na splątanych predykcjach z CASP i RNA-Puzzles (*PLoS Computational Biology*; e1012843). Przeprowadzono analizę statystyczną motywów multimerycznych w eksperymentalnych strukturach DNA i RNA. Opracowano algorytm *LinkTetrado* do identyfikacji tych motywów, udostępniono go na platformie GitHub i przetestowano

² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³ Stan na 31.12.2025 r.

(*PLoS Computational Biology*; e1013633). Opracowano serwer obliczeniowy *RNActive* do oceny i rankingowania modeli 3D RNA w kontekście kompromisowej struktury 2D. System przetestowano i porównano w zakresie skuteczności rozpoznawania struktur natywnych z innymi metodami bezreferencyjnymi (*Bioinformatics*; btaf601). Przygotowano zbiór treningowy/testowy zawierający lokalne deskryptory struktur 3D RNA. Zbiór poddano ewaluacji w celu eliminacji redundancji sekwencyjnej, strukturalnej i ewolucyjnej. Na tym zbiorze wytrenowano modele uczenia maszynowego wykorzystujące duży model językowy RNA, grafowe sieci neuronowe i probabilistyczny model dyfuzji oraz poddano je ewaluacji. Najlepszy model zaimplementowano w narzędziu *GraphaRNA* (*Bioinformatics*; btaf515). Przewidziano 110 modeli RNA w 11 konkursach RNA-Puzzles.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Development of a protocol for eliminating entanglements of structural elements in RNA 3D models while preserving the expected folding and structural integrity. Development of the *LinkTetrado* tool for identifying and classifying multimeric nucleotide assemblies in nucleic acid structures. Development of the *RNActive* computational server enabling reference-free evaluation and ranking of RNA 3D models in the context of a consensus secondary structure. Development of the *GraphaRNA* machine learning model for reliable prediction of RNA 3D motifs, along with the creation of a representative, non-redundant *RNA3Desc* training and test dataset to support further advancement of machine-learning methods for RNA 3D structure prediction. *In silico* prediction of RNA 3D structures submitted in Round VI of the RNA-Puzzles competition held in 2025 (a total of 11 challenges: PZ50–51, PZ59–61, PZ63–66, PZ72–73).

Description of the accomplished works

The protocol was developed and tested on entangled predictions from CASP and RNA-Puzzles. (*PLoS Computational Biology*; e1012843). A statistical analysis of multimeric motifs in experimental DNA and RNA structures was performed. The *LinkTetrado* algorithm for identifying these motifs was developed, made available on GitHub, tested (*PLoS Computational Biology*; e1013633). The *RNActive* computational server was developed for the assessment and ranking of RNA 3D models in the context of a consensus 2D structure. The system was tested and benchmarked against other reference-free methods in terms of its ability to recognize native structures (*Bioinformatics*; btaf601). A training/test dataset containing local descriptors of RNA 3D structures was prepared. The dataset was evaluated to eliminate sequence, structural, and evolutionary redundancy. Machine-learning models based on a large RNA language model, graph neural networks, and a probabilistic diffusion model were trained and evaluated on this dataset. The best-performing model was implemented in the *GraphaRNA* tool (*Bioinformatics*; btaf515). A total of 110 RNA models were predicted across 11 RNA-Puzzles competitions.

Publikacje

1. S. Poblete, M. Mlynarczyk, **M. Szachniuk**
Unknotting RNA: A method to resolve computational artifacts
PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY 2025, 21, e1012843
2. M. Zurkowski, M. Marusic, **D. Gudanis-Sobocinska, M. Szachniuk**
Detecting polynucleotide motifs: Pentads, hexads, and beyond
PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY 2025, 21, e1013633

3. J. Pieleśiak, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**, T. Zok
RNAIvite to recognize native-like structure in a set of RNA 3D models
BIOINFORMATICS 2025, 41, btaf601
4. M. Justyna, C. Zirbel, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**
Graph neural network and diffusion model for modeling RNA interatomic interactions
BIOINFORMATICS 2025, 41, btaf515
5. F. Bu, Y. Adam, **R.W. Adamiak**, **M. Antczak**, B.R.H. de Aquino, N.G. Badepally, R.T. Batey, E.F. Baulin, P. Boinski, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, K.A. Carpenter, J. Chacon, S.-J. Chen, W. Chiu, P. Cordero, N.K. Das, R. Das, W.K. Dawson, F. DiMaio, F. Ding, A.-C. Dock-Bregeon, N.V. Dokholyan, R.O. Dror, S. Dunin-Horkawicz, S. Eismann, E. Ennifar, R. Esmaeeli, M.A. Farsani, A.R. Ferre-D'Amare, C. Geniesse, E. Ghanim, H.V. Guzman, I.V. Hood, L. Huang, D.S. Jain, F. Jaryani, L. Jin, A. Joshi, M. Karelina, J.S. Kieft, W. Kladwang, S. Kmiecik, D. Koirala, M. Kollmann, R.C. Kretsch, M. Kurcinski, J. Li, S. Li, M. Magnus, B. Masquida, S.N. Moafinejad, A. Mondal, S. Mukherjee, T.H.D. Nguyen, G. Nikolaev, C. Nithin, G. Nye, I.P.N. Pandaranadar Jeyeram, A. Perez, P. Pham, J.A. Piccirilli, S.P. Pilla, R. Pluta, S. Poblete, A. Ponce-Salvatierra, M. Popena, L. Popena, F. Pucci, R. Rangan, A. Ray, A. Ren, **J. Sarzynska**, C.M. Sha, F. Stefaniak, Z. Su, K.C. Suddala, **M. Szachniuk**, R. Townshend, R.J. Trachman III, J. Wang, W. Wang, A. Watkins, T.K. Wirecki, Y. Xiao, P. Xiong, Y. Xiong, J. Yang, J.D. Yesselman, J. Zhang, Y. Zhang, Z. Zhang, Y. Zhou, T. Zok, D. Zhang, S. Zhang, A. Zyla, E. Westhof, Z. Miao
RNA-Puzzles Round V: blind predictions of 23 RNA structures
NATURE METHODS 2025, 22, 399-411
6. O. Ludwiczak, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**
Assessing interface accuracy in macromolecular complexes
PLOS ONE 2025, 20, e0319917
7. S. Swat, **M. Antczak**, T. Zok, **J. Blazewicz**, J. Musiał
Exact Algorithms for the Satellite Image Selection Problem
INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE
2025, 35, 293-309
8. K. Mularski, D. Makalowski, M. Okonek, D. Glebowska, M. Swiercz, **K. Kamel**, **J. Blazewicz**, **M. Antczak**, **A. Swiercz**
ProProtein: A platform for fully automated identification of 3D structure fluctuations in MD simulation trajectories
PLOS ONE 2025, 20, e0329314
9. O. Mizrahi, M. Corley, O. Feldman, T. Frohling, L. Sun, A. Ziesel, **M. Antczak**, M. Bernetti, S.I. Elhajjajy, W. Huang, G.G. Nguyen, S.S. Park, R.I. Perez Martell, L. Trinity, K. Xu, T. Zok, G. Bussi, H. Jabbari, Y. Orenstein, S. Aviran, M.M. Meyer, G.W. Yeo
Evaluation of novel computational methods to identify RNA-binding protein footprints from structural data
RNA 2025, 31, 1103-1124
10. B. Szawulak, **M. Radom**, P. Formanowicz
Comparison by partition - Finding Petri nets similarity on the basis of subnets
COMPUTERS IN BIOLOGY AND MEDICINE 2025, 187, 109775

11. J. Badura, **A. Rybarczyk**, T. Zok
Comprehensive datasets for RNA design, machine learning, and beyond
SCIENTIFIC REPORTS 2025, 15, 21417
12. **A. Jarmolowicz**, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, **Z. Gdaniec**, E. Kierzek, **R. Kierzek**
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine: influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes
RNA 2025, 31, 86–99
13. N. Dutta, I. Deb, **J. Sarzynska**, A. Lahiri
Structural and Thermodynamic Consequences of Base Pairs Containing Pseudouridine and N1-methylpseudouridine in RNA Duplexes
CHEMISTRYSELECT 2025, 10, e202400006
14. Y.W. Sang, J.Q. Wang, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Single machine scheduling with the total weighted late work and rejection cost
NAVAL RESEARCH LOGISTICS 2025, 72, 260-274
15. X. Liu, X. Chen, V. Chau, J. Musial, **J. Blazewicz**
Flexible Job Shop Scheduling Problem using graph neural networks and reinforcement learning
COMPUTERS AND OPERATIONS RESEARCH 2025, 182, 107139
16. M. Antczak, **M. Szachniuk**
Toward Increasing the Credibility of RNA Design
[w:] RNA Desing. Methods in Molecular Biology (red. A. Churkin, D. Barash)
HUMANA, NEW YORK 2025, 2847, 137-151
17. J. Badura, T. Zok, **A. Rybarczyk**
Datasets for Benchmarking RNA Design Algorithms
[w:] RNA Desing. Methods in Molecular Biology (red. A. Churkin, D. Barash)
HUMANA, NEW YORK 2025, 2847, 229-240

Prace przyjęte do druku

1. B. Adamczyk, P. Boinski, **M. Szachniuk**, **M. Antczak**
RNAsolo 2.0: multimodal database to study RNAs, their structural families and intermolecular interfaces
JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY DOI: 10.1016/j.jmb.2025.169570
2. Y.W. Sang, J.Q. Wang, Y.M. Huo, M. Sterna, **J. Blazewicz**
Minimizing the maximum late work for a single-machine scheduling problem with flexible maintenance activities
JOURNAL OF SCHEDULING, DOI: 10.1007/s10951-025-00846-z
3. **J. Gumna-Mikina**, A. Andrzejewska-Romanowska, **M. Antczak**, **M. Szachniuk**, E. Tykwinska, **K. Pachulska-Wieczorek**
A retroelement-derived mammalian Arc protein exhibits selective RNA recognition and nucleic acid chaperone functions
RESEARCH SQUARE, preprint ; DOI: 10.21203/rs.3.rs-6767839/v1



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Anna Pasternak
(0,5 STATUT/0,5 GRANTY)⁴

Skład osobowy⁵

Pracownicy naukowcy:

dr Natalia Bartyś (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

dr Weronika Kotkowiak (1 GRANTY)

dr inż. Jolanta Lisowiec-Wąchnicka (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

dr Zofia Jahnz-Wechmann (0,1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Badania właściwości fizykochemicznych oraz biologicznych modyfikowanych oligonukleotydów o potencjale diagnostycznym oraz terapeutycznym (K)

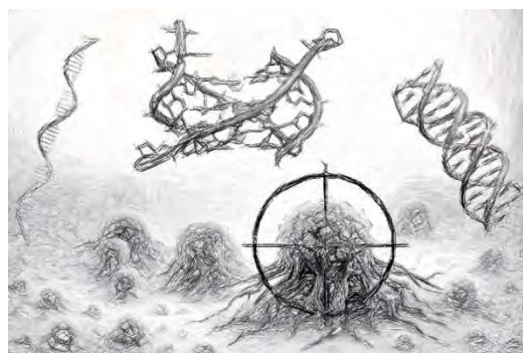
Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie narzędzi oligonukleotydowych przydatnych w rozwoju strategii celowanych terapii przeciwnowotworowych.

Opis zrealizowanych prac

Prowadzone badania miały charakter wieloprojektowy i obejmowały różne podejścia służące regulacji procesów istotnych dla rozwoju nowotworów. Zastosowane oligonukleotydy o zróżnicowanych właściwościach strukturalnych, oraz z różnorodnymi modyfikacjami chemicznymi, pozwalały wpływać na ekspresję onkogenów i modulować alternatywny splicing. Wykazano, że właściwie zaprojektowane sekwencje ograniczały żywotność, proliferację i ruchliwość komórek nowotworowych. Jeden z projektów dotyczył ponadto wpływu struktury G-kwadrupleksu na właściwości przeciwnowotworowe aptameru wiążącego trombinę. Otrzymane wyniki pokazały, że integracja wielu podejść molekularnych zwiększa potencjał terapeutyczny oligonukleotydów, czyniąc je obiecującymi narzędziami w celowanych terapiach przeciwnowotworowych.



The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

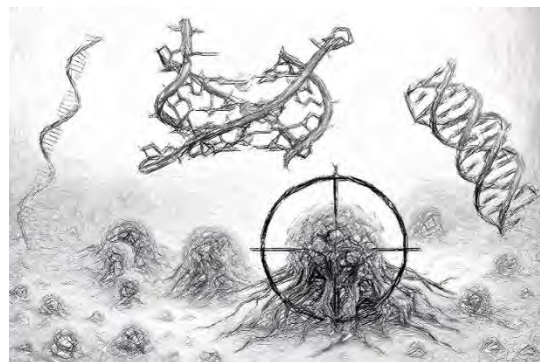
Oligonucleotide tools in the development of targeted anticancer therapy strategies.

⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵ Stan na 31.12.2025 r.

Description of the accomplished works

The conducted research was of a multi-project nature, and encompassed various approaches aimed at regulating processes essential for cancer development. The applied oligonucleotides, characterized by diverse structural properties and a range of chemical modifications, made it possible to influence oncogene expression and modulate alternative splicing. It was demonstrated that properly designed sequences reduced the viability, proliferation, and motility of cancer cells. One of the projects focused on the impact of G-quadruplex structure on the anticancer properties of thrombin-binding aptamer. The obtained results showed that integrating multiple molecular approaches enhances the therapeutic potential of oligonucleotides, making them promising tools in targeted anticancer therapy.



Publikacje

1. **C. Roxo, A. Pasternak**
Switching off cancer – An overview of G-quadruplex and i-motif functional role in oncogene expression
BIOORGANIC AND MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS 2025, 116, 130038
2. **N. Bartys, J. Lisowiec-Wachnicka, A. Pasternak**
Thermodynamic control of mismatch discrimination for extensive splicing regulation of PKM pre-mRNA
RNA JOURNAL 2025, 31, 475-485
3. **W. Kotkowiak, N. Bartys, A. Pasternak**
Towards improved anticancer properties of the G-quadruplex-forming T40231 aptamer through increased flexibility of nucleoside residues
SCIENTIFIC REPORTS 2025, 15, 25159
4. **J. Lisowiec-Wachnicka, K. Zielinska, A. Pasternak**
Highly Specific Inhibition of *c-Myc* Oncogene Expression through Shifting the G-Quadruplex toward a Triplex Structure
JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY 2025, 68, 24424-24435
5. **N. Bartys, A. Pasternak, J. Lisowiec-Wachnicka**
Modified Nucleotides in Bifunctional Antisense Oligonucleotides: Exploring their Anticancer Potential
CHEMMEDCHEM 2025, 20, e202500220

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupleksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu *c-Myc*; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Anna Pasternak
2. Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwzakrzepowy i chemioterapeutyk; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Weronika Kotkowiak

3. Modyfikowane reszty nukleotydowe jako potencjalne narzędzie zwiększające oddziaływanie aptameru z docelowym białkiem; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Weronika Kotkowiak

4. Termodynamiczna identyfikacja oraz charakterystyka struktur G-kwadrupleksu obecnych w pre-mRNA protoonkogenu RON; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Natalia Bartyś

Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz
(0,15 STATUT/0,85 GRANTY)⁶

Skład osobowy⁷

Pracownicy naukowci:

dr Lucyna Budzko (0,04 STATUT/0,96 GRANTY)

mgr Łukasz Ciecierski (1 GRANTY)

dr Marcin Jukiewicz (0,2 GRANTY)

mgr Kinga Piątek-Bajan (1 GRANTY)

dr Katarzyna Ratajczak (1 GRANTY)

dr Ireneusz Stolarek (0,01 STATUT/0,99 GRANTY)

dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

dr Mikołaj Zaborowski (0,7 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Joanna Delimata-Raczek (1 GRANTY)

mgr Michał Golubiński (0,5 GRANTY)

dr Bart Krist (1 GRANTY)

mgr Marcin Osuch (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

dr Michał Prendecki (0,5 GRANTY)

mgr Jarosław Sikora (1 GRANTY)

lic. Katarzyna Zielezińska (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Mariana Alegria (stypendium NCN)

mgr inż. Karolina Hoffa-Sobiech (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek

Kierownik: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN (0,15 STATUT/0,85 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Anna Samelak-Czajka (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

⁶ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁷ Stan na 31.12.2025 r.

Pracownicy techniczni:

mgr Magdalena Trybus (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)
dr Agnieszka Gąbka-Buszek (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Jakub Kubiś (1 GRANTY)
mgr inż. Anastasiia Zaremba (1 STATUT)

Pracownia Genomiki

Kierownik: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN (1 STATUT)

Pracownicy naukowci:

dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

inż. Weronika Litowczenko (0,4 GRANTY)
mgr Sylwia Nawrocka (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)
dr Klementyna Marciniak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
dr Jan Podkowiński (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)
mgr Magdalena Rakoczy (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
dr Paweł Wojciechowski (0,5 STATUT)

Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych

Kierownik: dr Natalia Koralewska (0,01 STATUT/0,99 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr Jarosław Lewandowski (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Sylwia Biernacka-Nowak (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)
mgr Aleksandra Błaszczak (1 GRANTY)
dr Ewelina Klupczyńska (1 GRANTY)
Magdalena Puszczuk (0,7 STATUT/0,3 GRANTY)
dr Karolina Świtońska-Kurkowska (1 GRANTY)
dr Marta Wojnicka (1 GRANTY)

Tematy statutowe Zakładu

1. Genomika człowieka i jej wykorzystanie w badaniach biomedycznych (K)
2. Badania molekularne i systemowe procesu regeneracji i wymiany komórek (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie mechanizmów molekularnych leżących u podłoża procesu regeneracji oraz chorób kardiologicznych i nowotworowych u człowieka.

Opis zrealizowanych prac

Stosując multiomiczne podejścia systemowe, analizy pojedynczych komórek oraz algorytmy bazujące na sztucznej inteligencji:

- określono wpływ wyciszenia genu rybonukleazy Smed ELAC2 na przebieg procesu regeneracji u *S. mediterranea*;
- zidentyfikowano homolog ludzkiej huntingtyny u *S. mediterranea* i wykazano, że jego wyciszenie prowadzi do wad rozwojowych fotoreceptorów oraz istotnych zaburzeń behawioralnych i neurochemicznych;
- zidentyfikowano: (i) szereg wariantów genetycznych, w tym takie, których występowanie różnicuje podgrupy pacjentów z ostrą białaczką limfoblastyczną typu B odmiennie reagujących na leczenie oraz (ii) warianty patogenne w genach *COL11A1* i *MGME1* oraz potencjalnie patogenne w genach *ZMYM3*, *ALG6*, *UBA5*, i *ATG7* u pacjentki z chłoniakiem DLBCL (*Journal of Applied Genetics*);
- opracowano algorytm do identyfikacji komórek nowotworowych w płynie otrzewnowym u pacjentek z rakiem jajnika (skuteczność selektywnej klasyfikacji wynosiła $F1 > 95\%$ a dokładność 99,5%);
- wykazano, że APOBEC3A edytuje: (i) tRNA, preferencyjnie w pozycjach antykodonowych oraz (ii) G-kwadrupleksy występujące w wirusowych DNA;
- wykazano, że na kolejnych etapach różnicowania pluripotencjalnych komórek macierzystych do kardiomiocytów, te same geny są źródłem wielu izoform RNA różniących się głównie miejscem inicjacji i terminacji transkrypcji;
- opracowano protokoły analizy pojedynczych komórek w układach niezależnych od systemów mikroprzepływowych.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Identification of the molecular mechanisms underlying the regeneration process and cardiovascular and cancer diseases in humans.

Description of the accomplished works

Using multiomic approaches, single-cell analyses, and artificial intelligence-based algorithms, we:

- determined the impact of the Smed ELAC2 ribonuclease gene silencing on the regeneration process in *S. mediterranea*;
- identified a human huntingtin homolog in *S. mediterranea* and showed that its silencing led to photoreceptor malformations and significant behavioral and neurochemical abnormalities;
- identified: (i) several genetic variants, including those differentiating patients with B-cell acute lymphoblastic leukemia that respond differently to treatment, and (ii) pathogenic variants in the *COL11A1* and *MGME1* genes and potentially pathogenic variants in the *ZMYM3*, *ALG6*, *UBA5*, and *ATG7* genes in a patient with DLBCL (*Journal of Applied Genetics*);
- developed an algorithm for identifying cancer cells in the peritoneal fluid of ovarian cancer patients (selective classification efficiency was $F1 > 95\%$ and accuracy was 99.5%);
- showed that APOBEC3A edits: (i) tRNA, preferentially at anticodon positions, and (ii) G-quadruplexes found in viral DNA;
- demonstrated that during pluripotent stem cells differentiation into cardiomyocytes, the same genes are the source of numerous RNA isoforms, differing primarily in the transcription initiation and termination sites;
- developed microfluidic systems-independent protocols for single-cell analysis.

1. S. Farsinejad, D. Centeno, J. Savas-Carstens, T. Polotaye, T. Pavlovic, P. Babvey, T. Muranen, C. Miedziarek, P. Jasinski, E. Dziabaszevska, **M.P. Zaborowski**, P.Y. Lum, L.A. Martin, M.P. Iwanicki
Suppression of Ovarian Cancer Cell Proliferation Is Associated with Upregulation of Cell-Matrix Adhesion Programs and Integrin- β 4-Induced Cell Protection from Cisplatin
CANCERS 2025, 17, 1472
2. D. Pietkiewicz, **M.P. Zaborowski**, S. Plewa, M. Potograbski, C. Miedziarek, T. Kluz, E. Nowak-Markwitz, J. Matysiak
Targeted Metabolomic Serum Analysis of Patients with High and Low Risk of Endometrial Cancer Recurrence and Positive and Negative Lymph Node Status
METABOLITES 2025, 15, 422
3. C. Miedziarek, H. Bochynski, K. Bocianska, M. Potograbski, P. Tyburski, **M.P. Zaborowski**, E. Nowak-Markwitz
Association Between MMR Status and Prognostic Pathological Factors in Endometrioid Endometrial Cancer-A Single-Center Retrospective Study
CANCERS 2025, 17, 3605
4. S. Szubert, M. Nadolna, P. Wawrzynowicz, A. Horala, J. Kolodziejczyk, L. Koberlink, P. Caputa, **M.P. Zaborowski**, E. Nowak-Markwitz
Surgical Techniques for Radical Trachelectomy
CANCERS 2025, 17, 985
5. C. Miedziarek, M. Markwitz, M. Potograbski, **M.P. Zaborowski**
Indications and timing for genetic testing in ovarian cancer
JOURNAL OF MEDICAL SCIENCE 2025, 94, 113-126
6. **A. Dutta, A. Samelak-Czajka, M. Trybus, M. Osuch, A. Zaremba, P. Jackowiak**
Identification and characterization of planarian multinucleated cells in *Schmidtea mediterranea* using imaging flow cytometry
FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY 2025, 13, 1611516
7. K. Kulak, **A. Samelak-Czajka, M. Marszałek-Zenczak**, K.M. Michalak, **M. Trybus**, J. Minicka, **P. Jackowiak**, A. Bagniewska-Zadworna
Identification of phloem-specific proteinase structure heterogeneity in sieve element of *Populus trichocarpa*
BMC PLANT BIOLOGY 2025, 25, 456
8. **A. Dutta, A. Zaremba, P. Jackowiak**
Ribonucleases in Mendelian disease: Characterization and insight from model organisms
GENES & DISEASES 2025, 12, 101613
9. **A. Zaremba, M. Marszałek-Zenczak, A. Dutta, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak**
A modular pipeline for evidence-integrated genome annotation across species: A case study on *Schmidtea mediterranea*
GENOMICS 2025, 117, 111104
10. M. Wolanska, M. Sieczczynski, K. Pastuszek, **A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak**, N. Bednarz-Knoll, S. Lapinska-Szumczyk, D. Klasa-Mazurkiewicz, A.J. Zaczek, A. Supernat
Case Report: Blood single-cell analysis of a IVB high-grade serous ovarian cancer patient

presenting a favorable prognosis

FRONTIERS IN ONCOLOGY 2025, 15, 1697863

11. **N. Szostak**, M. Budnik, **K. Tomela**, **L. Handschuh**, **A. Samelak-Czajka**, B. Pietrzak, M. Schmidt, M. Kaczmarek, L. Galus, J. Mackiewicz, A. Mackiewicz, **P. Kozłowski**, **A. Philips** Exploring correlations between gut mycobiome and lymphocytes in melanoma patients undergoing anti-PD-therapy
CANCER IMMUNOLOGY, IMMUNOTHERAPY 2025, 74, 110
12. B. Mnich, K. Szostek, O. Nowak, J. Rodzinska-Nowak, M.M. Przybyła, **M. Marcinkowska-Swojak**, M. Nowak
One place, many worlds – nutrition strategies of human groups inhabiting the site 3 in Miechów (southern Poland) since the Neolithic until the Iron Age
PRAEHISTORISCHE ZEITSCHRIFT 2025, 100, 789-830
13. A.S. Hirschfeld, **J.O. Misiołek**, **M. Dąbrowska**, J. Muszyński, B.J. Gerhart, **M. Zenczak**, **M. Rakoczy**, **K. Rolle**, **P.M. Switonksi**, J.S. Napierała, **L. Handschuh**, M. Napierała, M. Badura-Stronka
Spinocerebellar ataxia 27B (SCA27B)-a systematic review and a case report of a Polish family
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, 66, 895-902
14. **A. Srinivasan**, **D. Magner**, **P. Kozłowski**, **A. Philips**, **A. Kajdasz**, **P. Wojciechowski**, **M. Wojciechowska**
Global dysregulation of circular RNAs in frontal cortex and whole blood from DM1 and DM2
HUMAN GENETICS 2025, 144, 417-432
15. A. Chyży, P. Gnatowski, E. Pilat, M. Sienkiewicz, **K. Woźniak**, **M. Wojnicka**, **K. Brzezinski**, M.E. Plonska-Brzezinska
Formation and Characterization of Xylitol-Modified Glycidyl Methacrylate-co-Ethyl Methacrylate Matrices for Controlled Release of Antimicrobial Compounds
MOLECULES 2025, 30, 3083
16. **M. Rakoczy**, **J. Podkowinski**, **M. Figlerowicz**
Overexpression of UGPase and SPP genes in *Nicotiana tabacum* leaves causes accelerated plant development and increased biomass
BIOTECHNOLOGIA 2025, 106, 31-48
17. **L. Budzko**, **A. Mierzwa**, **M. Figlerowicz**
AID/APOBEC: an expanding repertoire of targets and functions
TRENDS IN BIOCHEMICAL SCIENCES 2025, 50, 642-645
18. **L. Handschuh**, **I. Stolarek**, **M. Zenczak**, **M. Marcinkowska-Swojak**, **M. Figlerowicz**
Co mówią geny o społeczeństwie wczesnego państwa Piastów? [w:] Bolesław Chrobry z Poznania po władzę i koronę (red. A. Stępin)
MUZEUM ARCHEOLOGICZNE W POZNANIU 2025, 2, 66-73
19. **M. Figlerowicz**
Społeczeństwo państwa Piastów – historia odczytana z DNA
ACADEMIA. MAGAZYN POLSKIEJ AKADEMII NAUK 2025, 1(81), 41-45
DOI: 10.24425/academiaPAN.2025.155134

Prace przyjęte do druku

S. Przybysz, A. Lojko-Dankowska, **M. Rakoczy**, **M. Marcinkowska-Swojak**, **M. Zenczak**, K. Gwozdz-Bak, **L. Handschuh**, K. Lewandowski

Genetic background of Richter transformation of atypical chronic lymphocytic leukemia to diffuse large B-cell lymphoma - a case study

JOURNAL OF APPLIED GENETICS, DOI: 10.1007/s13353-025-00999-9

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowniach w 2025 r.

1. Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej; (WIB)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

2. Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, opartej na technologii RNA, zapewniającej krajowe bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne; (Rozwój Innowacyjnych Rozwiązań Terapeutycznych z Wykorzystaniem Technologii RNA) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Zakłady Farmaceutyczne POLPHARMA S.A. (kierownik projektu: mgr Katarzyna Rusin); (ABM)

Kierownik Zespołu Badawczo-Rozwojowego: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

3. Genome of Europe; 101168231

Zadania ICHB PAN: WP5 – Data collection – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Erasmus Universitair Medisch Centrum Rotterdam); (Erasmus MC)

Kierownik zadania z ramienia ICHB PAN: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN

4. ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC 3D; (FENG – MOSAIC 3D)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

5. Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptycznego tkanki guza o rozdzielczości jednokomórkowej; (FENG – FIRST TEAM)

Kierownik projektu: dr Mikołaj Zaborowski

6. U zarania państwowości środkowoeuropejskich na przykładzie Czech i Polski. Dynastie – elity – społeczeństwa (koniec IX–XI wiek); (OPUS +LAP)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Marek Figlerowicz

7. Kompleksowa analiza transkryptomu *Schmidtea mediterranea* – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB PAN

8. Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN

9. Platforma obliczeniowa do optymalizacji ścieżek rozwojowych komórek w celu uzyskania populacji jednorodnych; (LIDER)

Kierownik projektu: dr Ireneusz Stolarek

10. Psylocybina jako niedrogi kandydat na terapię choroby Alzheimera; (SPARK)

Kierownik projektu: dr Urszula Kozłowska

11. Mikroświaty wyobraźni, czyli biologia, chemia i sztuka w jednym kadrze; (ODKRYWCY)

Kierownik projektu: mgr Marcin Osuch

12. Charakterystyka fenotypu organoidów serca uzyskanych z materiału pobranego od pacjentów jako modelu arytmogennej kardiomiopatii prawej komory serca; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Jarosław Lewandowski



Kierownik Zakładu: dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN
(0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁸

Skład osobowy⁹

Pracownicy naukowcy:

dr Joanna Romanowska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

prof. dr hab. Adam Kraszewski

prof. dr hab. Jacek Stawiński

Temat statutowy Zakładu

Synteza, struktura i aktywność biologiczna komponentów kwasów nukleinowych i ich analogów (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poszukiwanie nowych pochodnych nukleotydów jako potencjalnych proleków.

Opis zrealizowanych prac

Kontynuowano prace nad nukleotydami 5-fluoro-2'-deoksyurydyny zawierającymi modyfikacje grupy fosforanowej i niosącymi grupy lipofilowe w pozycji 3'-O. Uzyskane związki zostały scharakteryzowane fizykochemicznie oraz zbadane jako potencjalne inhibitory proliferacji komórek nowotworowych HeLa (rak szyjki macicy) i T98G (glejak). Wyniki są obiecujące, zwłaszcza dla T98G, gdzie dla niektórych związków uzyskano aktywność i selektywność wyższą o rząd wielkości od wyjściowego nukleozydu.

We współpracy z grupą prof. K. Prochaski (Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska) kontynuowane były badania nad przenikaniem pronukleotydów przez błony komórkowe. Przygotowany został zestaw związków o różnej lipofilowości, które zostaną przeanalizowane techniką monowarstw Langmuira. Rozpoczęto pracę nad manuskrypcją publikacji. Wyniki wchodzić również w skład przygotowywanej pracy magisterskiej, której promotorem jest dr J. Romanowska.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Search for new nucleotide derivatives as potential prodrugs.

Description of the accomplished works

Studies on 5-fluoro-2'-deoxyuridine nucleotides with phosphate modifications and lipophilic groups at the 3'-O position were continued. The obtained compounds were characterized physicochemically and tested as potential inhibitors of HeLa (cervical cancer) and T98G (glioma) cancer cell proliferation. The results are promising, especially for T98G, where several compounds demonstrated activity and selectivity an order of magnitude higher than the starting nucleoside.

⁸ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁹ Stan na 31.12.2025 r.

In collaboration with the group of Prof. K. Prochaska (Faculty of Chemical Technology, Poznan University of Technology), studies on the permeation of pronucleotides through cell membranes were continued. A set of compounds with varying lipophilicity was prepared and will be analyzed using the Langmuir monolayer technique. Work on the publication manuscript has already been initiated. The results will also be included in the MSc thesis, supervised by Dr. J. Romanowska.

Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Michał Jasiński
(0,35 STATUT/0,65 GRANTY)¹⁰

Skład osobowy¹¹

Pracownicy naukowcy:

dr Joanna Banasiak (1 STATUT)

dr inż. Wanda Biała-Leonhard (1 GRANTY)

dr Sara Blicharz (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Krishnapriya Anirudhan (stypendium NCN)

mgr Maciej Nowak (stypendium NCN)

Pracownia Hodowli Roślin

Kierownik: dr Aleksandra Paweła (0,35 STATUT/0,65 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Mariola Piślewska-Bednarek (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Paweł Stróżycki (0,5 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

Badania mechanizmów transportu związków niskocząsteczkowych decydujących o cechach użytkowych roślin uprawnych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Badania nad pogłębieniem zrozumienia mechanizmów molekularnych regulujących adaptację roślin, ich metabolizm oraz interakcje ze środowiskiem.

Opis zrealizowanych prac

Zrealizowane prace łączyły szerokie syntezy literaturowe z oryginalnymi analizami eksperymentalnymi i obliczeniowymi. Po pierwsze, dokonano przeglądu aktualnej wiedzy na temat transporterów ABCG,

¹⁰ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹¹ Stan na 31.12.2025 r.

ze szczególnym uwzględnieniem strukturalnych i funkcjonalnych determinant selektywności substratowej oraz najnowszych osiągnięć w modelowaniu *in silico* i biologii strukturalnej (*Plant Physiology*). Po drugie, zintegrowano wiedzę o szlakach molekularnych leżących u podstaw korzystnych interakcji roślina–mikroorganizm, identyfikując wspólne mechanizmy sygnałowe, metaboliczne i regulacyjne kluczowe dla zrównoważonego, nisko-nakładowego rolnictwa (*Plant Communications*). Po trzecie, badania eksperymentalne nad *Arabidopsis ABCG36* wykazały, że reszta L704 w zewnątrzkomórkowej bramce pełni funkcję kluczowej determinanty specyficzności, rozdzielając transport różnych związków endogennych i umożliwiając ewolucyjną dywersyfikację rozpoznawania substratów (*Nature Communications*). Opublikowane wyniki dostarczają mechanistycznych danych wspierających racjonalne projektowanie transportu błonowego oraz strategie oparte na mikrobiomie w celu optymalizacji wzrostu i odporności roślin.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Research aimed to deepen the understanding of molecular mechanisms that govern plant adaptation, metabolism, and interactions with the environment.

Description of the accomplished works

The work combined comprehensive literature syntheses with original experimental and computational analyses. First, it reviewed current knowledge on ABCG transporters, emphasizing structural and functional determinants of substrate selectivity and highlighting recent advances in *in silico* modeling and structural biology (*Plant Physiology*). Second, it integrated insights into molecular pathways underlying beneficial plant–microbe interactions, identifying shared signaling, metabolic, and regulatory mechanisms essential for sustainable, low-input agriculture (*Plant Communications*). Third, experimental studies on *Arabidopsis ABCG36* revealed that residue L704 in the extracellular gate acts as a key specificity determinant, uncoupling transport of distinct endogenous compounds and enabling evolutionary diversification of substrate recognition (*Nature Communications*). The results, published in peer-reviewed outlets, provide mechanistic frameworks supporting rational engineering of membrane transport and microbiome-based strategies to optimize plant growth and resilience.

Publikacje

1. **W. Biala-Leonhard**, A. Bigos, J. Brezovsky, **M. Jasinski**
Message hidden in α -helices-toward a better understanding of plant ABCG transporters' multispecificity
PLANT PHYSIOLOGY 2025, 198, kiaf146
2. J.A. Lopez-Raez, **J. Banasiak**, M. Becana, S. Goormatchig, L. Lanfranco, E. Larrainzar, B. Lefebvre, C. Veneault-Foirrey, F. Frugier
Molecular mechanisms modulating beneficial plant root-microbe interactions: What's common?
PLANT COMMUNICATIONS 2025, 101592
3. J. Xia, A. Siffert, O. Torres, F. Iacobini, **J. Banasiak**, **K. Pakula**, J. Ziegler, S. Rosahl, N. Ferro, **M. Jasinski**, T. Hegedus, M.M. Geisler
A key residue of the extracellular gate provides quality control contributing to ABCG substrate specificity
NATURE COMMUNICATIONS 2025, 16, 4177

4. **T. Jamruszka, J. Banasiak, A. Pawela, K. Jarzyniak, J. Xia, W. Biala-Leonhard, L. Plackova, T. Tsering, F.R. Iacobini, O. Novak, M.M. Geisler, M. Jasinski**
MtABCG40 is a cytokinin transporter that limits lateral root density and nodule formation in *Medicago truncatula*
PLANT JOURNAL 2025, 124, e70622
5. D. Perlikowski, K. Lechowicz, **S. Blicharz**, M. Jelonek-Arasimowicz, A. Czapiewska, I. Pawlowicz, A. Kosmala
Nitric oxide regulates photosynthesis and the capacity of the antioxidant system under water deficit and rehydration in *Lolium multiflorum*/*Festuca arundinacea* introgression forms
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2025, 16, 1652482
6. B. Sabelleck, M. Freh, M. Lammertz, J. Browatzki, A-M. Vllaho, **M. Pislewska-Bednarek, P. Bednarek**, R. Panstruga
Thiamine is a vitamin for plant-pathogenic powdery mildew fungi
ISCIENCE 2025, 28, 1131123

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Plant lessons: Identification of intrinsic and extrinsic factors determining higher plant ABC transporter directionality; projekt realizowany w partnerstwie (koordynator – Dr. M. Geisler University of Fribourg); (MAPS)
Kierownik projektu z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Michał Jasiński
2. Transportery ABCG w dystrybucji fenylopropanoidów u *Medicago truncatula* uniwersalność vs. specjalizacja; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński
2. Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion *Medicago truncatula* na kwas abscysynowy podczas kiełkowania; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Joanna Banasiak
3. Charakterystyka funkcjonalna transporterów ABCG obecnych w nasionach *Medicago truncatula*; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Michał Jasiński
4. Zgłębienie podstaw transportu fenylopropanoidów w modelowej roślinie bobowatej *Medicago truncatula*; (SONATA)
Kierownik projektu: dr inż. Wanda Biała-Leonhard



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski
(0,2 STATUT/0,8 GRANTY)¹²

Skład osobowy¹³

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Anna Jasińska

dr Paulina Gałka-Marciniak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Daniel Kuźnicki (1 GRANTY)

dr Malwina Suszyńska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Tugce Kocamanoglu (stypendium NCN)

mgr inż. Adrian Tiré (1 STATUT)

mgr Władysław Węgorek (stypendium NCN)

Pracownia Bioinformatyki

Kierownik: dr hab. Anna Philips, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)

Pracownicy naukowcy:

dr Arkadiusz Kajdasz (1 STATUT)

dr Natalia Szóstak (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr Maciej Michalczyk (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie nowych metod, testów i strategii analiz genetycznych.

Opis zrealizowanych prac

Ogólne badania Zakładu obejmują szeroko pojęte zagadnienia genetyki molekularnej człowieka, zależności pomiędzy genotypem i fenotypem oraz charakterystykę zmienności genetycznej. Zrealizowane w 2025 r. prace dotyczyły: (i) analizy związku metylacji z predyspozycją do raka jajnika oraz fenotypem raka jajnika, (ii) analizy wpływu mutacji w genach miRNA na funkcjonowanie tych genów, oraz (iii) analizy somatycznych mutacji w niekodujących elementach (5' i 3'UTR) genów kodujących białka. Projekty te wpisują się w aktualne zainteresowania zakładu koncentrujące się na genetyce nowotworów, genetyce niekodujących elementów genomu oraz genetycznej predyspozycji do nowotworów. Najważniejszą pracą opublikowaną zakładzie w 2025 roku jest artykuł opisujący opracowanie Whole-

¹² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹³ Stan na 31.12.2025 r.

miRNome Sequencing, nowej strategii sekwencjonowania, umożliwiającą sekwencjonowanie wszystkich ludzkich genów miRNA oraz panelu genów kodujących białka biorące udział w biogenezie miRNA (*Nucleic Acids Research*). Z wykorzystaniem tej metody wykonane zostało sekwencjonowanie kilkuset próbek, w tym próbek nowotworowych, które umożliwiło zidentyfikowanie kilkuset nowych mutacji somatycznych występujących w genach miRNA oraz kilku genów miRNA o potencjale genów napędzających nowotworzenie, wzbogaconych w mutacje występujące głównie w miejscach funkcjonalnych. Zakres tej pracy obejmuje również działania zgodne z celami działalności statutowej zakładu.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Development of new methods, tests and strategies for genetic analysis.

Description of the accomplished works

The general interests of the department include broadly understood areas of human molecular genetics, the relationship between genotype and phenotype, and the characteristics of genetic variability. In 2025 three projects were being implemented: (i) analysis of the relationship between methylation and the predisposition to, and phenotype of ovarian cancer, (ii) analysis of the effect of mutations in miRNA genes on the functioning of these genes, and (iii) analysis of somatic mutations in non-coding elements (5' and 3'UTR) of genes. These projects are in line with the department's current interests focusing on cancer genetics, the genetics of non-coding genome elements and genetic predisposition to cancer. The most important work published by the department in 2025 (*Nucleic Acids Research*), described the development of Whole-miRNome Sequencing, a new sequencing strategy enabling sequencing of all human miRNA genes and a panel of protein-coding miRNA biogenesis genes. Using this method, several hundred samples were sequenced, including tumor samples which enabled identification of hundreds of new somatic mutations occurring in miRNA genes. Additionally, several miRNA genes with cancer driver potential were identified, enriched in mutations that primarily occurred at functional sites. The scope of this work also encompasses activities consistent with the department's statutory objectives.

Publikacje

1. **P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, D. Kuznicki, N. Szostak, A. Tire, P.M. Nawrocka-Muszynska, K. Chojnacka, M. Suszynska, K. Klonowska, K. Czubak, M. Machowska, A. Philips, K. Maksin, L. Susok, M. Sand, J. Rys, J. Jura, M. Ratajska, H. Dams-Kozłowska, J. Kowalewski, M.A. Lewandowska, P. Kozłowski**
Whole-miRNome sequencing: a panel for the targeted sequencing of all human miRNA genes
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf812
2. **N. Szostak, M. Budnik, K. Tomela, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, B. Pietrzak, M. Schmidt, M. Kaczmarek, L. Galus, J. Mackiewicz, A. Mackiewicz, P. Kozłowski, A. Philips** Exploring correlations between gut mycobiome and lymphocytes in melanoma patients undergoing anti-PD- therapy
CANCER IMMUNOLOGY, IMMUNOTHERAPY 2025, 74, 110
3. **M.J. Esteban-Amo, A. Telleria, D. Gobelli, P. Serrano-Lorenzo, J.J. Telleria, M.T. Perez-Garcia, P. Kozłowski, M.A. de la Fuente, M. Simarro**
Identification of a novel transcript of mouse Sdha
BMC RESEARCH NOTES 2025, 18, 83

4. **A. Srinivasan, D. Magner, P. Kozłowski, A. Philips, A. Kajdasz, P. Wojciechowski, M. Wojciechowska**
Global dysregulation of circular RNAs in frontal cortex and whole blood from DM1 and DM2
HUMAN GENETICS 2025, 144, 417-432
5. **K. Klonowska, J. Lee, M. Drzewiecki, J.M. Grevelink, B. Boeszoermyeni, P. Kozłowski, J. Hanna, A.C. Laga, D.J. Kwiatkowski**
TSC angiofibroma and ungual fibroma have different mutation signatures, with recurrent mutations in KMT2C
GENETICS IN MEDICINE 2025, 27, 101538
6. **N. Szostak, P. Kozłowski, T. Zuo, A. Philips**
The role of gut mycobiome in responses to cancer immunotherapy
GUT MICROBES 2025, 17, 2571433
7. **M. Wojciechowska, P. Kozłowski**
Implications of circular transcripts in DM1 pathomechanism
MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102661
8. **Y. Wu, R. Cheng, H. Lin, L. Li, Y. Jia, A. Philips, T. Zuo, H. Zhang**
Gut virome and its implications in the pathogenesis and therapeutics of inflammatory bowel disease
BMC MEDICINE 2025, 23, 183
9. **Z.Y. Feng, E. Burgemeister, A. Philips, T. Zuo, W. Wen**
The gut virome in association with the bacteriome in gastrointestinal diseases and beyond: roles, mechanisms, and clinical applications
PRECISION CLINICAL MEDICINE 2025, 8, pbaf010
10. **R.P. Su, W.J. Wen, Y.F. Jin, Z.R. Cao, Z.Y. Feng, J. Chen, Y. Lu, G.C. Zhou, C. Dong, S.S. Gao, X. Li, H. Zhang, K. Chao, P. Lan, X.J. Wu, A. Philips, K. Li, X. Gao, F. Zhang, T. Zuo**
Dietary whey protein protects against Crohn's disease by orchestrating cross-kingdom interaction between the gut phageome and bacteriome
GUT 2025, 74, 1246-1260
11. **Z. Huang, Y. Liu, A. Philips, F. Zhang, T. Zuo**
Varied prevalence and asymptomatic carriage of *Cryptococcus gattii* in the gut of Chinese populations
LANCET MICROBE 2025, 6, 101086
12. **N. Makowska-Zawierucha, M. Wozzak, J.C. Yde, K. Zawierucha**
Diversity and Abundance of Antimicrobial Resistance Determinants in culturable bacteria of glacier mice and proglacial lake ecosystems at Austerdalsbreen, Norway
INTERNATIONAL JOURNAL OF ENVIRONMENTAL RESEARCH 2025, 19, 25

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Piotr Kozłowski

2. Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pylenie zawieszonym w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN

Kierownik projektu: dr hab. Anna Philips, prof. ICHB PAN

3. W poszukiwaniu aberracji metylacji DNA związanych z podatnością na raka jajnika; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Malwina Suszyńska

4. Wpływ nowotworowych mutacji somatycznych w genach miRNA na funkcjonowanie tych cząsteczek i ich potencjalną rolę w nowotworach; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Paulina Gałka-Marciniak

Zakład Genomiki Strukturalnej RNA



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
(0,4 STATUT/0,6 GRANTY)¹⁴

Skład osobowy¹⁵

Pracownicy naukowcy:

dr Marta Soszyńska-Jóźwiak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Marta Szabat (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Maria Nalewaj (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Izabela Ulanowska (stypendium ICHB PAN)

mgr Agnieszka Baliga-Gil (stypendium NCN)

mgr inż. Kinga Maziec (stypendium NCN)

mgr Mariia Sokulska (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Uniwersalne elementy strukturalne RNA wirusów (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poszukiwanie motywów uniwersalnych i funkcjonalnych w strukturze drugorzędowej RNA wirusa grypy typu A (IAV) i SARS-CoV-2 mogących być celem w inhibicji namnażania tych wirusów. Określenie udziału struktury RNA wirusa grypy typu A w regulacji jego replikacji. Badania nowych antywirusowych strategii inhibitorowych nakierowanych na RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2. Zastosowanie wysokoprzepustowych badań przesiewowych ligandów niskocząsteczkowych do opracowania nowych metod inhibicji namnażania IAV i SARS-CoV-2. Badania długich niekodujących RNA

¹⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁵ Stan na 31.12.2025 r.

(lncRNA), jako obiektów terapii antygrypowej. Badania potencjalnych G-kwadrupleksów (G4), jako struktur o znaczeniu funkcjonalnym w genomie wirusa grypy typu A. Badania wpływu modyfikacji nukleotydów na właściwości termodynamiczne, strukturalne i biologiczne RNA.

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono finalne etapy wysokoprzepustowego badania przesiewowego (HTS) 100 000 związków niskocząsteczkowych z European Chemical Biology Library (ECBL) w ramach grantu ISIDORE EU OpenScreen znajdując ligandy silnie wiążące się do funkcjonalnych motywów strukturalnych RNA SARS-CoV-2. Rozpoczęto badania HTS z wykorzystaniem komercyjnych bibliotek ligandów w poszukiwaniu związków wiążących się do uniwersalnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy i SARS-CoV-2, mogących w ten sposób zaburzać funkcje biologiczne RNA i hamować namnażanie wirusów. Przeanalizowano eksperymentalnie i bioinformatycznie strukturę drugorzędową lncRNA-PAAN i wykazano skuteczność oligonukleotydów antysensowych nakierowanych na lncRNA-PAAN w celu inhibicji namnażania wirusa grypy (*Journal of Biological Chemistry*). Stosując szereg metod biofizycznych oraz badania komórkowe z udziałem minireplikonów dwóch szczepów wirusa grypy i specyficznych ligandów dla G4, potwierdzono tworzenie kilku G kwadrupleksów w RNA grypy oraz możliwość inhibicji IAV poprzez zaburzenie funkcji G4 (*PlosOne*). Przebadano wpływ kilku modyfikacji nukleotydów na właściwości termodynamiczne, strukturalne i biologiczne RNA (*RNA; Nucleic Acids Research; Nature Chemical Biology*).

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Search for universal and functional motifs in the secondary structure of RNA of IAV and SARS-CoV-2 that could be a target for inhibition of proliferation of these viruses. Determination of the role of the RNA structure of the influenza A virus in the regulation of its replication. Studies of new antiviral strategies targeting RNA of the influenza A virus and SARS-CoV-2. Use of high-throughput screening of small molecules for new methods of inhibiting the replication of IAV and SARS-CoV-2. Research on long non-coding RNAs (lncRNA) as objects of anti-influenza therapy. Research on potential quadruplexes as structures of functional importance in the genome of influenza A virus. Studies of influences of nucleotide modifications on thermodynamic, structural and biological properties of RNA.

Description of the accomplished works

The final stages of a high-throughput screening (HTS) of 100,000 small molecules (SMs) from the European Chemical Biology Library (ECBL) were conducted under the ISIDORE EU OpenScreen grant, identifying ligands that strongly bind to the functional structural motifs of SARS-CoV-2 RNA. HTS was initiated on commercial SM libraries to identify ligands that bind to universal structural motifs of influenza virus and SARS-CoV-2 RNA, thereby potentially disrupting RNA biological function and inhibiting viral replication. The secondary structure of lncRNA-PAAN was analysed experimentally and bioinformatically, and the efficacy of antisense oligonucleotides targeting lncRNA-PAAN for inhibiting influenza virus replication was demonstrated (*Journal of Biological Chemistry*). Using a range of biophysical methods and cellular studies, involving minireplicons of two influenza virus strains and specific ligands for G4, the formation of several G-quadruplexes in the influenza RNA was confirmed, as well as the possibility of IAV inhibition by disrupting G4 function (*PlosOne*). The effect of several nucleotide modifications on the thermodynamic, structural, and biological properties of RNA was investigated (*RNA; Nucleic Acids Research; Nature Chemical Biology*).

1. **I. Ulanowska, R. Kierzek, E. Kierzek, M. Soszynska-Jozwiak**
Structural architecture of the human long non-coding RNA-PAAN as a potential target for anti-influenza drug development
JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2025, 301, 110755
2. **M. Nalewaj, J. Sliwiak, K. Zielinska, P. Zmora, D. Niedzialek, G. Wieczorek, E. Kierzek, M. Szabat**
The interaction of RNA G-quadruplexes from the influenza A virus vRNA with TMPyP4 and BRACO-19 ligands
PLOS ONE 2025, 20, e0335975
3. **M. Angelo, Y. Bhargava, E. Kierzek, R. Kierzek, R.L. Hayes, W. Zhang, J.Z. Vilseck, S.T. Aoki**
Accurate in silico predictions of modified RNA interactions to a prototypical RNA-binding protein with λ -dynamics
RNA 2025, 31, 1460-1471
4. **I. Yildirim, W. Andralojc, A. Taghavi, D. Baranowski, Z. Gdaniec, R. Kierzek, E. Kierzek**
Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkae1222
5. **K. Maziec, A. Baliga-Gil, E. Kierzek**
Delivery strategies for RNA-targeting therapeutic nucleic acids and RNA-based vaccines against respiratory RNA viruses: IAV, SARS-CoV-2, RSV
MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102572
6. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine: influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes
RNA 2025, 31, 86-99

Prace przyjęte do druku

Y. Pan, **E. Kierzek, R. Kierzek**, D.H. Mathews, Y.T. Yu
A Ψ - Ψ codon-anticodon pairing in nonsense suppression and translational recoding
NATURE CHEMICAL BIOLOGY, DOI: 10.1038/s41589-025-02025-9

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Udział struktury RNA wirusa grypy typu A w regulację jego replikacji. Wysokoprzepustowa analiza ligandów niskocząsteczkowych nakierowanych na inhibicję replikacji wirusa grypy; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
2. Antywirusowe strategie nakierowane na RNA: Peptydowe kwasy nukleinowe (PNA) tworzące trypleksy oraz ich koniugaty z niskocząsteczkowymi ligandami specyficzne do konserwatywnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek
3. Antysensowe oligonukleotydy jako narzędzia specyficznie wiążące wirusowe G-kwadrupleksy oraz ich eksperymentalna weryfikacja; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Marta Szabat

4. Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Marta Soszyńska-Jóźwiak

5. The Global Viral Ecosystem Research and Preparedness Initiative - VERPI; (MSCA SE)

– projekt realizowany w konsorcjum (lider – University College Dublin)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Elżbieta Kierzek

Zakład Inżynierii Genomowej



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marta Olejniczak
(0,1 STATUT/0,9 GRANTY)¹⁷

Skład osobowy¹⁸

Pracownicy naukowcy:

dr Agnieszka Belter (1 GRANTY)

dr Yauhen Banduruk (1 GRANTY)

dr Magdalena Dąbrowska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr inż. Anna Kotowska-Zimmer (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)

dr inż. Anna Piaszyk-Borychowska (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Marianna Mirecka (1 GRANTY)

mgr Anna Misiukiewicz (1 GRANTY)

dr inż. Mateusz Nowaczyk (1 GRANTY)

dr inż. Marianna Pewińska-Kołodziejczak (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Weronika Maria Śliwińska (stypendium NCN/0,3 GRANTY)

Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych

Kierownik: prof. dr hab. Eliza Wyszko (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)¹⁹

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr inż. Dorota Gurda-Woźna (1 STATUT)

Osoby afiliowane przy pracowni:

dr hab. Małgorzata Giel-Pietraszuk

Temat statutowy Zakładu

Rozwijanie technologii edycji genomów oraz metod oceny jej efektywności i specyficzności (K)

¹⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

¹⁸ Stan na 31.12.2025 r.

¹⁹ Stan na 31.12.2025 r.

Temat statutowy Pracowni

Badanie potencjału terapeutycznego wybranych związków małowcząsteczkowych w leczeniu chorób neurodegeneracyjnych (N)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Analiza efektywności i specyficzności edycji genu beta globiny przy użyciu systemu PCV-Cas9 oraz opracowanie narzędzia bioinformatycznego miRarchitect do projektowania sztucznych mikroRNA (amiRNA).

Opis zrealizowanych prac

Wyprodukowano i oczyszczono białko PCV-Cas9, a jego aktywność potwierdzono w warunkach *in vitro*. Białko PCV-Cas9, ze związaną kowalencyjnie matrycą donorową w formie ssODN oraz gRNA, nakierowane na sekwencję genu *HBB* wprowadzono do komórek K562 metodą elektroporacji. Analiza efektów edycji w programie DECODR wykazała istotny statystycznie wzrost ilości produktów będących wynikiem naprawy homologicznej (HDR) oraz spadek produktów wynikających z naprawy NHEJ w stosunku do kontroli z niezwiązaną matrycą donorową.

Przygotowano narzędzie miRarchitect wspomagane uczeniem maszynowym, przeznaczone do projektowania terapeutycznych amiRNA (<https://rnadrug.ichb.pl/mirarchitect/>). W celu weryfikacji działania narzędzia zaprojektowano amiRNA ukierunkowane na transkrypt TMPRSS-2. Skuteczność wyciszania amiRNA oceniono w komórkach HEK293T na poziomie transkryptu i białka. Sześć z ośmiu amiRNA obniżało poziom białka TMPRSS-2 o $\geq 75\%$. W wyniku analizy sekwencjonowania małych RNA wykazano niski poziom amiRNA w komórce, preferencyjny stosunek nici wiodącej/pasażerskiej oraz homogenność końców 5' uwalnianych przez Droszę, co potwierdza założenia miRarchitecta. Manuskrypt jest obecnie po recenzji.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Evaluation of the efficiency and specificity of the PCV-Cas9 system for beta globin gene editing and development of the bioinformatic tool miRarchitect for artificial microRNA (amiRNA) design.

Description of the accomplished works

The PCV-Cas9 protein was produced and purified and its activity was confirmed *in vitro*. A donor template in the form of an ssODN covalently linked to the PCV-Cas9, together with gRNA targeting the *HBB* gene, was delivered into K562 cells by electroporation. Analysis of the editing outcomes using the DECODR program showed a statistically significant increase in products resulting from homology-directed repair (HDR) and a decrease in products arising from NHEJ repair, compared to the control with an untethered donor template.

miRarchitect, a machine-learning-guided web platform for the design of therapeutic amiRNAs, has been developed (<https://rnadrug.ichb.pl/mirarchitect/>). To verify the tool's performance, amiRNAs targeting the TMPRSS2 transcript were designed. The silencing efficiency of the amiRNAs was assessed in HEK293T cells at both the transcript and protein levels. Six out of eight amiRNAs reduced TMPRSS2 protein levels by $\geq 75\%$. Small RNA sequencing analysis showed a low level of amiRNA in the cell, a preferential guide/passenger strand ratio, and homogeneous 5' ends generated by Droscha, confirming the assumptions behind miRarchitect. The manuscript is currently after revision.

A.S. Hirschfeld, **J.O. Misiolek, M. Dabrowska**, J. Muszynski, B.J. Gerhart, **M. Zenczak, M. Rakoczy, K. Rolle, P.M. Switonski**, J.S. Napierala, **L. Handschuh**, M. Napierala, M. Badura-Stronka
Spinocerebellar ataxia 27B (SCA27B)-a systematic review and a case report of a Polish family
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, 66, 895-902

Prace przyjęte do druku

1. P. Pawelczak, A. Laska-Modzelewska, M. Jank, M. Skupinska, **A. Belter**
A novel and superior diagnostic test for feline leukemia virus: enhanced precision in rapid detecting viral antigen in blood, plasma and serum
VIROLOGY JOURNAL, DOI: 10.1186/s12985-025-03015-y
2. J. Walecka, **P. Bakowski**, M. Jokiel, R. Trabka, M. Chaszczewska-Markowska, D. Ghete, **D. Gurda-Wozna, A. Fedoruk-Wyszomirska**, P. Lubiowski, E. Wyszko, **A. Tyczewska, K. Bakowska- Zywicka**
Molecular background behind lateral elbow pain reduction with Leukocyte-Rich and Leukocyte-Poor Platelet-Rich Plasma - randomized control trial and single-cell platelet analysis.
INTERNATIONAL ORTHOPAEDICS, DOI: 10.1007/s00264-025-06719-6

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Assessing efficacy and safety of genome EDITing approaches for Sickle Cell Disease – Hop-on Facility; (EDITSCD-HOP-ON)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marta Olejniczak
2. Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Marta Olejniczak
3. Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr inż. Anna Kotowska-Zimmer
4. Zastosowanie sztucznych miRNA do allelo-selektywnej terapii ataksji rdzeniowo-mózdkowych spowodowanych ekspansją powtórzeń CAG; (LIDER)
Kierownik projektu: dr inż. Anna Kotowska-Zimmer
5. Mikroskopowa identyfikacja białek zaangażowanych w naprawę DNA w regionach powtórzeń CAG; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr inż. Mateusz Nowaczyk
6. Znaczenie polimorfizmu długości ciągów CAG w patogenezie chorób nowotworowych; (PERŁY NAUKI)
Kierownik projektu: mgr Marianna Śmiełowska

Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Paweł Bednarek
(0,225 STATUT/0,775 GRANTY)²⁰

Skład osobowy²¹

Pracownicy naukowcy:

dr Justyna Lalak-Kańczugowska (1 GRANTY)

dr hab. Anna Piasecka (1 GRANTY)

dr Lokesh Veeresh (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Sylwia Kuczevska (0,5 STATUT/0, 5 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Serhii Kozin (1 STATUT)

mgr Monidipa Bose (stypendium NCN)

mgr inż. Mikołaj Małecki (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Metabolity wtórne w regulacji odpowiedzi immunologicznej roślin (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem badań jest poznanie szlaków biosyntezy i immunologicznej roli roślinnych metabolitów wtórnych, których prekursorem jest tryptofan (Trp) oraz charakterystyka wybranych enzymów biorących udział w ich biosyntezie.

Opis zrealizowanych prac

Zbadano odporność na infekcję linii *Arabidopsis thaliana* z przeprogramowaną produkcją kamaleksyny. Wykazano, że produkcja kamaleksyny w komórkach epidermy przywraca odporność na patogen grzybowy. Uzyskano również transgeniczne linie *A. thaliana* produkujące brassininę.

Prowadzono charakterystykę linii transgenicznych eksprymujących geny kodujące enzymy ze szlaków biosyntezy serotoniny w mutancie *cyp79b2 cyp79b3 A. thaliana* (nieprodukującym natywnych metabolitów wtórnych pochodzących od Trp). Wykazano, że biosynteza serotoniny następuje tylko i wyłącznie po infekcji patogenem. Wyselekcjonowano homozygotyczne linie, które wysłano do współpracujących laboratoriów w celu sprawdzenia ich interakcji z mikroorganizmami.

Prowadzono analizy uzyskanych linii wykazujących ekspresję genów kodujących ortologi oraz chimery białka syntazy fitochelatyny 1 (PCS1). Na podstawie tych wyników wywnioskowano, że C-końcowy fragment PCS1 jest istotny dla jego badanej funkcji w metabolizmie glukozyzolanów. Przeprowadzone analizy porównawcze sekwencji ortologów PCS1 pozwoliły na identyfikację 13 aminokwasów potencjalnie związanych z badaną aktywnością.

²⁰ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²¹ Stan na 31.12.2025 r.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

The goal of the research is to gain insight into the biosynthesis and immune function of tryptophan (Trp)-derived specialized metabolites, as well as the characterization of selected enzymes involved in the respective biosynthetic pathways.

Description of the accomplished works

We have examined the resistance to infection of *A. thaliana* lines with reprogrammed production of camalexin. This revealed that camalexin production in epidermal cells restores resistance to a fungal pathogen. Transgenic *A. thaliana* lines producing brassinin were generated.

We also characterized transgenic lines expressing genes encoding enzymes from the serotonin biosynthetic pathway in the *cyp79b2 cyp79b3* mutant of *A. thaliana* (does not produce native Trp-derived secondary metabolites). It was demonstrated that serotonin biosynthesis occurs only after infection with the pathogen. Homozygous lines were selected and sent to collaborating laboratories to test their interactions with microorganisms.

Lines expressing genes encoding orthologs and chimeras of the Phytochelatase synthase 1 (PCS1) protein were analyzed. Based on the generated results, it was concluded that the C-terminal fragment of PCS1 is essential for its studied function in glucosinolate metabolism. Sequence alignments analyses of PCS1 orthologs allowed identification of 13 amino acids potentially associated with the studied activity.

Publikacje

1. J. Bizan, S. Sarkar, A.K. Basak, S. Bera, S. Goto-Yamada, K. Endo, K. Tarnawska-Glatt, R. Batth, K. Bhardwaj, M. Mierzaei, **P. Czerniawski**, **P. Bednarek**, K. Yamada
Arabidopsis MYB47 and MYB95 transcription factors regulate jasmonate-inducible ER-body formation
COMMUNICATIONS BIOLOGY 2025, 8, 1377
2. B. Sabelleck, M. Freh, M. Lammertz, J. Browatzki, A-M. Vllaho, **M. Pislewska-Bednarek**, **P. Bednarek**, R. Panstruga
Thiamine is a vitamin for plant-pathogenic powdery mildew fungi
SCIENCE 2025, 28, 1131123
3. M. Kawalilo, **J. Lalak-Kanczugowska**, Z. Dutkiewicz, M. Urbaniak, D. Popiel, K. Czyz, G. Koczyk
Rational deployment of molecular markers for the benzenediol lactones and related compounds biosynthesis in filamentous fungi
PEERJ 2025, 13, e20472

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Międzygatunkowa inżynieria szlaków metabolicznych, jako narzędzie w badaniu funkcji metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

2. Molekularne podstawy modyfikacji i aktywacji glukozynolanów w odporności roślin *Brassicaceae* na inhibicję replikacji wirusa grypy; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Paweł Bednarek

3. Opis kluczowych mechanizmów koordynacji i priorytyzacji odpowiedzi jęczmienia na jednoczesne stresy biotyczne i abiotyczne – podejście multiomiczne; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Anna Piasecka

Zakład Biochemii Rybonukleoprotein



Kierownik Zakładu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)²²

Skład osobowy²³

Pracownicy naukowcy:

dr Paulina Krzemińska (1 GRANTY)

dr inż. Agnieszka Szczepańska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Anna Wyrzykowska (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Klaudia Wójcik (stypendium NCN)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

prof. dr hab. Jerzy Ciesiołka

dr hab. Jan Wrzesiński

Temat statutowy Zakładu

Poszukiwanie nowych układów modelowych do badania oddziaływań białko-kwas nukleinowy (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie sond molekularnych do wizualizacji kompleksów ludzkiej rybonukleazy Dicer (hDicer) z niekanonicznymi substratami RNA za pomocą testu ligacji bliskiego sąsiedztwa.

Opis zrealizowanych prac

W ramach prowadzonych badań zaprojektowano zestaw sond oligonukleotydowych do testów ligacji bliskiego sąsiedztwa (ang. *Proximity Ligation Assay*, PLA). Test PLA polega na wykrywaniu bliskiego sąsiedztwa dwóch cząsteczek w komórce dzięki specyficznym przeciwciałom sprzężonym z oligonukleotydami, które umożliwiają ligację i amplifikację sygnału tylko wtedy, gdy rozpoznane epitopy znajdują się bardzo blisko siebie. Początkowo test PLA był optymalizowany w kierunku wykrywania i wizualizacji interakcji między hDicer i jej znanym partnerem białkowym – TRBP (kontrola poprawności wykonania testu PLA). Następnie w oparciu o wyniki analiz CLIP RNA-seq (dane o RNA wiązanych przez hDicer), zaprojektowano zestawy sond oligonukleotydowych komplementarnych wobec wybranych transkryptów. Testy PLA prowadzono w komórkach HEK293T i w linii kontrolnej

²² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²³ Stan na 31.12.2025 r.

HEK293T NoDice (*DICER1* KO, kontrola negatywna). W szczególności testowano różne zestawy przeciwciał I-rzędowych i optymalizowano ich stężenia.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Development of molecular probes for visualizing complexes of human ribonuclease Dicer (hDicer) with non-canonical RNA substrates using the proximity ligation assay.

Description of the accomplished works

As part of the conducted research, a set of oligonucleotide probes for proximity ligation assays (PLA) was designed. The PLA assay is based on detecting the close spatial proximity of two molecules within a cell, using specific antibodies conjugated to oligonucleotides, which enable ligation and signal amplification only when the recognized epitopes are located very close to each other. Initially, the PLA assay was optimized toward detecting and visualizing interactions between hDicer and its known protein partner, TRBP (a control for proper PLA performance). Subsequently, based on CLIP RNA-seq analyses (data on RNAs bound by hDicer), sets of oligonucleotide probes complementary to selected transcripts were designed. PLA assays were carried out in HEK293T cells and in the control HEK293T NoDice line (*DICER1* knockout, negative control). Specifically, various combinations of primary antibodies were tested, and their optimal concentrations were determined.

Publikacje

1. **K. Wojcik, P. Krzeminska, A. Kurzynska-Kokorniak**
Possible role of human ribonuclease dicer in the regulation of R loops
FEBS OPEN BIO 2025, 15, 1406-1418
2. **A. Szczepanska, K. Wojcik, A. Kurzynska-Kokorniak**
RNase III Enzymes and Their Accessory Domains [w:] Molecular Evolution of RNA Regulatory Enzymes and Their Systems, Nucleic Acids and Molecular Biology (red. A. Kanai, A.W. Nicholson)
SPRINGER 2025, 38, 161–201

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Bliskie spotkania trzeciego stopnia: co dzieje się kiedy rybonukleaza Dicer napotyka w komórce RNA i DNA przyjmujące struktury G-kwadrupeksów; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN
2. Złożona natura białek wielodomenowych: na tropie aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer – spodziewaj się nieoczekiwanego; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN
3. Otrzymanie dwóch wariantów rybonukleazy Dicer organizmu modelowego *Xenopus laevis* – przygotowanie do badań aktywności biochemicznych i analiz strukturalnych; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr inż. Agnieszka Szczepańska



Kierownik Zakładu: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof ICHB PAN
(0,4 STATUT/0,6 GRANTY)²⁴

Skład osobowy²⁵

Pracownicy naukowcy:

prof. dr hab. Mariusz Jaskólski (0,5 STATUT)
dr Dominika Czerwonka (1 GRANTY)
dr inż. Marta Grzechowiak (1 GRANTY)
dr inż. Maria Małecka (1 GRANTY)
dr Daria Nawrot (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr hab. Mirosław Gilski (0,5 STATUT)

Doktoranci:

mgr Ha Linh Tran (0,6 STATUT/0,4 GRANTY)
mgr Kinga Pokrywka (1 STATUT)
mgr Wiktoria Ragin-Oh (stypendium NCN)
mgr Agata Warlich (stypendium NCN)

Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek

Kierownik: dr hab. Anna Urbanowicz, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy naukowcy:

dr Joanna Śliwiak (0,35 STATUT/0,65 GRANTY)
dr hab. Agata Świątkowska (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jakub Barciszewski (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)
mgr inż. Martyna Kabacińska (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)
mgr Alina Kasperska (0,2 GRANTY)
mgr Martyna Kordyś (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Badania strukturalne białek i kwasów nukleinowych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Identyfikacja związków wiążących się do centrum katalitycznego kluczowego dla progresji nowotworów enzymu PYCR1. Poznanie struktury kompleksu białek ARR1 i AHP1 pośredniczących w sygnalizacji hormonalnej roślin. Poznanie struktury i mechanizmu katalitycznego we wszystkich typach i klasach L-asparaginaz, ze szczególnym uwzględnieniem Klasy 3, w poszukiwaniu skutecznych leków przeciwbiałaczkowych. Poznanie struktury, mechanizmu działania oraz inhibicji syntazy 4;1 β -podstawionej

²⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁵ Stan na 31.12.2025 r.

alaniny, w kontekście poprawy wartości odżywczych roślin strączkowych. Opracowanie geometrycznych standardów stereochemicznych do walidacji struktur kwasów nukleinowych.

Opis zrealizowanych prac

Zidentyfikowano związki wiążące się do enzymu PYCR1. Określono strukturę krystaliczną kompleksu AHP1-ARR1. Ustalono rolę wszystkich reszt aminokwasowych w obrębie centrum aktywnego L-asparaginazy Klasy 3 oraz określono warunki steryczne poprawnego wiązania substratu i przebiegu reakcji katalitycznej. Określono strukturę krystaliczną syntazy 4;1 β -podstawionej alaniny, znajdując w centrum aktywnym cząsteczkę związanego kwasu benzoowego. Potwierdzono, że zarówno kwas benzoowy jak i kwas salicylowy są inhibitorami tego enzymu *in vitro* oraz *in vivo*. Stworzono nowy system walidacji struktur kwasów nukleinowych w bazie PDB oparty na trzystopniowej skali. Proponowane rozwiązanie powinno doprowadzić do poprawy modeli kwasów nukleinowych w strukturach zdeponowanych w bazie PDB.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Identification of compounds binding to the catalytic site of the cancer-relevant enzyme PYCR1. Structural characterization of the ARR1–AHP1 protein complex involved in plant hormone signaling. Studying the structure and enzymatic mechanism in all types and Classes of L-asparaginases, with special focus on Class 3 L-asparaginases, with the hope of discovering novel antileukemic drugs. Studying the structure, mechanism of action and of inhibition of β -substituted alanine synthase 4;1, with the hope of improving the nutritional context of legume plants. Development of new geometric stereochemical standards for the validation of nucleic acid structures in the PDB databank.

Description of the accomplished works

Compounds binding to PYCR1 were identified. The crystal structure of the AHP1–ARR1 complex was determined. The function of all the amino acid residues in the area of the active site of Class 3 L-asparaginase has been elucidated, together with the steric conditions of productive substrate binding and catalysis.

The crystal structure of β -substituted alanine synthase 4;1 has been elucidated, revealing an unexpected molecule of benzoic acid bound in the active site. Following this discovery, it has been confirmed that both, benzoic acid and salicylic acid inhibit the enzyme *in vitro* and *in vivo*. A new system for validating nucleic acid structures in the PDB database has been developed based on a new three-tier scale for outlier detection. The proposed approach should lead to improved nucleic acid models in structures deposited in the PDB database.

Publikacje

1. **H.L. Tran, M. Ruszkowski**

ARR1 and AHP interactions in the multi-step phosphorelay system
FRONTIERS IN PLANT SCIENCE 2025, 16, 1537021

2. **K. Pokrywka, M. Grzechowiak, J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, J.I. Loch, M. Ruszkowski, M. Gilski, M. Jaskolski**

Controlling enzyme activity by mutagenesis and metal exchange to obtain crystal structures of stable substrate complexes of Class 3 L-asparaginase
FEBS JOURNAL 2025, 292, 1159-1173

3. **K. Pokrywka, M. Grzechowiak, J. Sliwiak, P. Worsztynowicz, J.I. Loch, M. Ruszkowski, M. Gilski, M. Jaskolski**
Probing the Active Site of Class 3 L-Asparaginase by Mutagenesis: Mutations of the Ser-Lys Tandems of ReAV
BIOMOLECULES 2025, 15, 944
4. Z. Lu, **W. Witek, M. Ruszkowski, B. Imiolczyk**, N. Paulish, J. Joshi, **M. Jaskolski**, F. Marsolais
Benzoic and salicylic acids inhibit β -substituted alanine synthase 4;1 in common bean
PLANT PHYSIOLOGY 2025, 199, kiaf485
5. **W. Ragin-Oh, D. Czerwonka, L.H. Tran**, G. Forlani, **M. Ruszkowski**
Crystallographic fragment screening reveals new starting points for PYCR1 inhibitor design
BIOORGANIC CHEMISTRY 2025, 165, 109024
6. **M. Jaskolski**, B. Naskrecki, Z. Dauter
Periodic arrangements of closely packed spheres
CHEMTEXTS 2025, 11, 2
7. B. Naskrecki, J. Malinowski, Z. Dauter, **M. Jaskolski**
Growth functions of periodic space tessellations
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION A: FOUNDATIONS AND ADVANCES 2025, 81, 64-81
8. Z. Dauter, **M. Jaskolski**
Honeycombs - their variety, topology and symmetry
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION A: FOUNDATIONS AND ADVANCES 2025, 81, 159-166
9. A. Wlodawer, Z. Dauter, P. Rubach, W. Minor, **M. Jaskolski**, Z. Jiang, W. Jeffcott, O. Anosova, V. Kurlin
Duplicate entries in the Protein Data Bank: how to detect and handle tchem
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D: STRUCTURAL BIOLOGY 2025, 81, 170-180
10. J. Loch, I. Pierog, **B. Imiolczyk, J.F. Barciszewski**, F. Marsolais, **M. Gilski, M. Jaskolski**
Unique double-helical packing of protein molecules in the crystal of potassium-independent L-asparaginase from common bean
ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D: STRUCTURAL BIOLOGY 2025, 81, 252-264
11. A. Wlodawer, P. Rubach, Z. Dauter, W. Dec, W. Minor, D. Brzezinski, **M. Jaskolski**
A Critical Look at the Crystal Structures of cAMP-Dependent Protein Kinases
KINASES AND PHOSPHATASES 2025, 3, 19
12. T. Platonova, O. Hrabovskyi, V. Chernyshenko, Y. Stohnii, Y. Kucheriavyi, K. Baidakova, D. Korolova, **A. Urbanowicz**, A. Komisarenko
Alternative Role of B/b Knob-Hole Interactions in the Fibrin Assembly
BIOCHEMISTRY 2025, 64, 791-800
13. **M. Nalewaj, J. Sliwiak, K. Zielinska, P. Zmora**, D. Niedzialek, G. Wieczorek, **E. Kierzek, M. Szabat**
The interaction of RNA G-quadruplexes from the influenza A virus vRNA with TMPyP4 and BRACO-19 ligands
PLOS ONE 2025, 20, e0335975
14. **M. Gilski**, M.R. Maurya, B. Nocek, **K. Brzezinski**
Editorial: The influence of metal ions and their complexes on the function and structure

Prace przyjęte do druku

1. J. Cerny, R.A. Nicholls, D. Brzezinski, H.M. Berman, **M. Gilski**, R.P. Joosten, M. Kowiel, C.L. Moriarty, J.S. Richardson, C. Vornrhein, C.J. Williams, **M. Jaskolski**, M. Egli
New targets and procedures for validating the valence geometry of nucleic acid structures
NUCLEIC ACIDS RESEARCH, DOI:10.1093/nar/gkaf1335
2. **M. Gilski, K. Pokrywka, M. Jaskolski**
Stereochemical aspects of the nucleophilic attack in different classes of L asparaginases IUCrJ
DOI:10.1107/S2052252525010826

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Projektowanie i rozwój inhibitorów hydrosymetylotransferazy serynowej-2 (SHMT2) blokujących wzrost nowotworu; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN
2. Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy δ 1-pyrrolino-5-karboksylanu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: ICHB PAN
Kierownik projektu: dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN
3. Nowe L-asparaginazy jako potencjalne środki terapeutyczne i cele molekularne dla zwalczania infekcji: badania strukturalne i funkcjonalne enzymów o podwójnym znaczeniu dla projektowania leków; (OPUS)
Kierownik projektu: prof. dr hab. Mariusz Jaskólski
4. Molekularne podstawy działania czynników transkrypcyjnych WRKY jako kluczowych regulatorów odpowiedzi roślin na stres; (OPUS)
Kierownik projektu: dr inż. Marta Grzechowiak
5. Zagadkowa struktura ludzkich czynników transkrypcyjnych GRHL regulujących procesy nowotworzenia; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr inż. Maria Małecka



Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN
(0,1 STATUT/0,9 GRANTY)²⁶

Skład osobowy²⁷

Pracownicy naukowcy:

dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)

dr inż. Emilia Kozłowska (1 GRANTY)

dr Natalia Ziojła (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Agata Ciołek (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Paweł Joachimiak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Magdalena Sikora (1 STATUT)

dr Magdalena Woźna-Wysocka (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Weronika Pawlik (stypendium NCN)

Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych

Kierownik: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)²⁸

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Kamila Peplowska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Kinga Plawgo (stypendium NCN)

mgr Alicja Rzepczak (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Biologia RNA w chorobach neurodegeneracyjnych (K)

Temat statutowy Pracowni

Regulacja posttranskrypcyjna w procesach rozwojowych modelowych organizmów zwierzęcych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem badań prowadzonych w Zakładzie było poznanie mechanizmów molekularnych dotyczących obecności ciągów powtórzeń CAG w określonych transkryptach, ze szczególnym uwzględnieniem

²⁶ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

²⁷ Stan na 31.12.2025 r.

²⁸ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

zaburzonych ścieżek w chorobach takich jak choroba Huntingtona (HD), ataksje-rdzeniowo-mózdkowe (SCA) i zanik jądra zębatego, jądra czerwienno i jądra niskowzgórzowego (DRPLA) oraz identyfikacja genów wpływających na przebieg chorób neurorozwojowych i neurodegeneracyjnych, w tym choroby Alzheimera (AD).

Badania prowadzone w Pracowni dotyczyły: identyfikacji i charakterystyki krótkich niekodujących RNA pochodzących z tRNA (tDR) w trakcie starzenia w *Caenorhabditis elegans*, opracowania metody tDR-quant, analizy zdolności drożdży do regeneracji po hodowli w warunkach łagodnych stresów oraz analizy krótkich RNA pochodzące z tRNA (tDR) jako cząsteczek regulatorowych stresu u soi.

Opis zrealizowanych prac

W ramach Zakładu kontynuowano realizację projektu OPUS i m.in. uzyskano linie komórkowe z różnymi wariantami długości ciągu CAG w genie *ATN1* (związanym z chorobą DRPLA), oraz scharakteryzowano je molekularnie (z wykorzystaniem RNA-seq) oraz fenotypowo. Ponadto kontynuowano charakterystykę cząsteczki cyrkularnego RNA *circ_ATXN7*, o potencjalnej roli w molekularnych zaburzeniach w SCA7. Sfinalizowano publikacją badania nad zaburzeniami w poziomie RNA na wczesnych etapach rozwoju neuronalnego w HD, w której wykazano szereg wspólnych zmian w modelu HD i w komórkach neuronalnych pozbawionych ekspresji *HTT*. Kontynuowano realizację projektu JPND, w ramach którego przeprowadzono analizy funkcjonalności lizosomów i mitochondriów w ludzkich liniach fibroblastów dla wybranej mutacji w genie *ATP6V0a1*.

W Pracowni zweryfikowano czy tDR asocjują z rybosomami *C. elegans* i w tym celu wykonano profilowanie polisomowe. Zbadano ilość tDR w poszczególnych frakcjach w dniach 0., 5., 8. i 10. życia nicienia. Ponadto opracowano metodę tDR-quant – nowatorską, elektroporacyjną metodę precyzyjnego pomiaru wiązania fragmentów tRNA z rybosomami. Przeanalizowano analizy żywotności i kondycji *S. cerevisiae*, wykonano analizy wzrostu oraz obrazowanie komórek metodą holotomografii 3D po hodowli w warunkach łagodnych stresów. Wykonano również (grant OPUS) sekwencjonowanie krótkich niekodujących RNA, transkryptomu oraz translatomu u 4 odmian soi poddanych stresom zimna lub suszy.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Department: understanding the molecular mechanisms related to the presence of CAG repeat sequences in specific transcripts, with particular emphasis on disrupted pathways in diseases such as Huntington's disease (HD), spinocerebellar ataxia (SCA), and dentatorubral-pallidoluysian atrophy (DRPLA), and identification of genes that influence the course of neurodevelopmental and neurodegenerative diseases, including Alzheimer's disease (AD).

Laboratory: identification and characterization of short non-coding RNAs derived from tRNAs (tRFs) during aging in *Caenorhabditis elegans*, development of tDR-quant method, analysis of yeast's ability to regenerate after cultivation under mild stress conditions, tRNA-derived fragments as stress responsive and regulating agents in soybean.

Description of the accomplished works

Department: The OPUS project was continued, and, i.a., cell lines with various variants of CAG tract length in the *ATN1* gene (associated with DRPLA disease) were obtained, and their molecular (using RNA-seq) and phenotypic characterization was performed. Furthermore, the characterization of

circular RNA *circ_ATXN7*, which has a potential role in molecular abnormalities in SCA7, was continued. A study on RNA abnormalities at early stages of neuronal development in HD was published, demonstrating a number of common changes in the HD model, and in neuronal cells lacking *HTT* expression. The JPND project continued, analyzing the functionality of lysosomes and mitochondria in human fibroblast lines for a selected mutation in the *ATP6V0a1* gene.

Laboratory: To determine whether tDRs associate with *C. elegans* ribosomes, polysome profiling was performed. The amount of tDRs was determined in individual fractions on days 0, 5, 8, and 10 of the nematode's life. Furthermore, the tDR-quant method was developed—a novel, electroporation-based method for precisely measuring the binding of tRNA fragments to ribosomes. Viability and fitness analyses of *S. cerevisiae* were analyzed, along with growth analyses and 3D holotomographic imaging of cells after cultivation under mild stress conditions. Sequencing of short non-coding RNAs, the transcriptome, and the translome of four soybean cultivars subjected to cold or drought stress were also performed (OPUS grant).

Publikacje

1. **E. Kozłowska, A. Ciolak, G. Adamek, J. Szczesniak, A. Fiszer**
HTT loss-of-function contributes to RNA deregulation in developing Huntington's disease neurons
CELL AND BIOSCIENCE 2025, 15, 100
2. I. Petracci, S. Bellini, K. Goljanek-Whysall, L.R. Quinlan, **A. Fiszer**, A. Cakmak, C.M. Njume, B. Barroni, R. Ghidoni
Exploring the Role of microRNAs as Blood Biomarkers in Alzheimer's Disease and Frontotemporal Dementia
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2025, 26, 3399
3. **M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska**, A. Niewiadomska-Cimnicka, **E. Jesion, A. Fiszer**, E. Singer-Mikosch, L. Fievet, **L. Przybył**, N.S. Caron, M.R. Hayden, H.P. Nguyen, Y. Trottier, **M. Figiel**
CAG-targeted brain-permeable therapy tested in biallelic humanized polyQ mouse models
MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102496
4. **P.J. Pietras**, M. Chaszczewska-Markowska, D. Ghete, **A. Tyczewska, K. Grzywacz**
Saccharomyces cerevisiae recovery from various mild abiotic stresses: Viability, fitness, and high resolution three-dimensional morphology imaging
FUNGAL GENETICS AND BIOLOGY 2025, 178, 103975
5. **K. Grzywacz, A. Rzepczak, K. Plawgo, D. Sobanska, A. Tyczewska**
tRNA-Derived Fragments in Age-Related Diseases: A Systematic Review
WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA 2025, 16, e70013
6. **K. Grzywacz, A. Tyczewska**
tDR-quant: a reliable electroporation-based approach for quantifying tRNA-derived fragments binding to ribosomes
FEMS YEAST RESEARCH 2025, 25, foaf051
7. **A. Tyczewska, K. Grzywacz**
Stress-induced ribosomal heterogeneity in *Saccharomyces cerevisiae*: from protein paralogs to regulatory noncoding RNAs
FEMS YEAST RESEARCH 2025, 25, foaf050

Prace przyjęte do druku

J. Walecka, **P. Bakowski**, M. Jokieli, R. Trabka, M. Chaszczewska-Markowska, D. Ghete, **D. Gurda-Wozna**, **A. Fedoruk-Wyszomirska**, P. Lubiowski, **E. Wyszko**, **A. Tyczewska**, **K. Bakowska-Zywicka**

Molecular background behind lateral elbow pain reduction with Leukocyte-Rich and Leukocyte-Poor Platelet-Rich Plasma – randomized control trial and single-cell platelet analysis INTERNATIONAL ORTHOPAEDICS, DOI: 10.1007/s00264-025-06719-6

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Wykorzystanie mikroRNA i informatycznych narzędzi dla diagnozy i leczenia choroby Alzheimer'a i demencji; (JPND CALL)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN

2. Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN

3. Krótkie RNA pochodzące z tRNA (tRF) jako reagujące na stres cząsteczki regulatorowe u soi; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Agata Tyczewska, prof. ICHB PAN

Zakład Chemii Biopolimerów



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski
(0,5 STATUT/0,5 GRANTY)²⁹

Skład osobowy³⁰

Pracownicy naukowcy:

dr Stanisław Trzeciński (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Joanna Strzelec (1 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Justyna Gołębiowska-Pikuła (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Jolanta Brzezińska (1 GRANTY)

dr Magdalena Paluch (0,5 GRANTY)

mgr Oskar Kołacki (1 STATUT)

mgr inż. Dominika Krygier (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr Bartłomiej Szarłan (0,5 GRANTY)

dr inż. Anna Wychowaniec (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Synteza i analityka modyfikowanych biopolimerów (K)

²⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁰ Stan na 31.12.2025 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem prowadzonych badań było opracowanie innowacyjnych strategii projektowania, syntezy i charakterystyki modyfikowanych kwasów nukleinowych (DNA i RNA), funkcjonalnych nośników hybrydowych umożliwiających kontrolowane osadzanie, uwalnianie oraz syntezę oligonukleotydów na fazie stałej i w roztworze, a także rozwój metod wielkoskalowej syntezy krótkich oligonukleotydów w fazie ciekłej z wykorzystaniem rozpuszczalnych chemicznych kotwic.

Opis zrealizowanych prac

Zastosowano dwa rodzaje kotwic, oparte na cieczach jonowych oraz nanocząstkach – typu wielościenne oligomeryczne silseskwioxany (POSS). Rozwinięto koncepcję termolabilnych łączników, których podstawową funkcją jest uwalnianie oligonukleotydów z fazy stałej. Opracowano i przeprowadzono syntezę ich amidofosforinów zawierających długie, elastyczne alkilowe łańcuchy. Opracowano również modułową platformę oligonukleotydów sprzężonych z ligandami G-kwadrupleksów DNA (GL-Os), umożliwiającą selektywne rozpoznawanie i oddziaływanie z określonymi pojedynczymi strukturami G4 DNA w genomie człowieka (*Bioconjugate Chemistry*). Wykazano, że długość oraz skład chemiczny łącznika wiążącego ligand G4 z oligonukleotydem prowadzącym, istotnie wpływają na stabilność tych układów.

Równolegle prowadzono prace nad chemiczną syntezą modyfikowanych siRNA, w tym ukierunkowanych na wyciszenie genów w terapii gleejaka. W tym celu przygotowano modyfikowane duplekisy siRNA zawierające zmodyfikowane grupy fosforanowe na ich 5'-końcach oraz wykazano w badaniach komórkowych, ich wpływ na wyciszenie genu tenascyny-C w komórkach gleejaka linii U-251 oraz U-87.

Jednocześnie optymalizowano procesy otrzymywania funkcjonalnych mikronośników polimerowych i podłoży hybrydowych oraz opracowano nowe nukleozydy i amidofosforiny do badań biologicznych *in cellulo*. Dodatkowo analizowano właściwości strukturalne i spektroskopowe neolignanów magnololu i honokiolu, tworząc punkt odniesienia dla dalszych badań nad ich analogami oraz zależnościami struktura–widmo (*International Journal of Molecular Sciences*).

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

The aim of the research was to develop innovative strategies for the design, synthesis, and characterization of modified nucleic acids (DNA and RNA), as well as hybrid carriers enabling the immobilization, controlled release, and synthesis of oligonucleotides on solid supports and in solution. An additional objective was the development of large-scale synthesis methods for short oligonucleotides in solution using soluble chemical anchors.

Description of the accomplished works

Two types of anchors were employed: ionic liquids and nanoparticles-based systems, specifically polyhedral oligomeric silsesquioxanes (POSS). The concept of thermolabile linkers was developed, whose primary function is the controlled release of oligonucleotides from solid supports. The synthesis of corresponding phosphoramidite containing long, flexible alkyl chains was accomplished. A modular platform of oligonucleotides conjugated with DNA G-quadruplex ligands (GL-Os) was also developed, enabling selective recognition and interaction with specific individual G4 DNA structures in the human genome (*Bioconjugate Chemistry*). It was demonstrated that both the length and chemical composition

of the linker connecting the G4 ligand to the guide oligonucleotide have a significantly impact on the stability of these constructs.

In parallel, research was conducted on the chemical synthesis of modified siRNAs, including constructs designed for silencing in glioma therapy. Modified siRNA duplexes containing phosphoryl modifications at their 5'-end were prepared, and their ability to silence the tenascin-C gene was demonstrated in U-251 and U-87 glioma cell lines.

Simultaneously, the synthesis and optimization of functional polymeric microcarriers and hybrid supports were carried out, and novel nucleosides and phosphoramidites were prepared for *in cellulo* biological studies. In addition, the structural and spectroscopic properties of the neolignans, magnolol and honokiol, were investigated, providing a reference point for further studies on their analogues and structure–spectrum relationships (*International Journal of Molecular Sciences*).

Publikacje

1. A. Abrahamsson, A. Berner, **J. Golebiewska-Pikula**, N. Chaudhari, E. Keskitalo, C. Lindgern, **M.K. Chmielewski**, S. Wanrooij, E. Chorell
Linker Design Principles for the Precision Targeting of Oncogenic G-Quadruplex DNA with G4-Ligand-Conjugated Oligonucleotides
BIOCONJUGATE CHEMISTRY 2025, 36, 724-736
2. J. Kujawski, B. Drabinska, K. Dettlaff, M. Skotnicki, A. Olszewska, T. Ratajczak, M. Napierala, **M.K. Chmielewski**, M. Kasprzak, R. Kujawski, A. Gostynska-Stawna, M. Stawny
Structural and Spectroscopic Properties of Magnolol and Honokiol-Experimental and Theoretical Studies
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2025, 26, 6085
3. **J. Golebiewska-Pikula**, A. Abrahamsson, E. Chorell
Phosphate triester-based multifunctional handles for post-synthetic oligonucleotide functionalization
BIOORGANIC CHEMISTRY 2025, 157, 108259
4. D. Kania, **D. Fochtman**, L. Skoczylas, M. Gawin, **L. Marczak**, A. Kurczyk, K. Fidyk, A. Perkowska-Ptasinska, E. Chmielnik, A. Debska-Slizien, J. Golebiewska, **A. Wojakowska**, M. Pietrowska
Biopsy proteome-based classification of T cell-mediated kidney allograft rejection
JOURNAL OF TRANSLATIONAL MEDICINE 2025, 23, 1139
5. **J. Strzelec**, **M.K. Chmielewski**
Opracowanie wielkoskalowej syntezy DNA/RNA z wykorzystaniem chemicznych kotwic
ZAGADNIENIA AKTUALNIE PORUSZANE PRZEZ MŁODYCH NAUKOWCÓW 24, 2025, 22-28
ISBN 78-83-66772-50-2



Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN
(0,1 STATUT/0,9 GRANTY)³¹

Skład osobowy³²

Pracownicy naukowcy:

dr Julia Latowska-Łysiak (1 GRANTY)

dr Julia Misiorek (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Dariusz Wawrzyniak (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr inż. Paweł Głodowicz (1 GRANTY)

dr Adriana Grabowska (1 GRANTY)

Osoby afiliowane przy zakładzie:

prof. dr hab. Jan Barciszewski

Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych

Kierownik: dr Łukasz Przybył (0,625 STATUT/0,375 GRANTY)³³

Pracownicy naukowcy:

dr inż. Magdalena Surdyka (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Marcin Cholewiński (1 STATUT)

dr Konrad Kuczyński (1 STATUT)

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Karlik (1 GRANTY)

mgr inż. Dorota Wronka (0,55 STATUT/0,45 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Rola RNA w mechanizmach inwazji komórek nowotworowych guzów mózgu (K)

Temat statutowy Pracowni:

Immunologia w badaniach przedklinicznych (N)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem prowadzonych badań było określenie udziału różnych klas niekodujących RNA (ncRNA) w rozwoju i progresji glejaka (GBM), w tym w procesach inwazji. Prowadzono także badania dotyczące charakterystyki nowo poznanej klasy krótkich RNA – sdRNA (ang. *sno-derived RNA*) oraz ich potencjalnej biogenezy.

³¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³² Stan na 31.12.2025 r.

³³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Opis zrealizowanych prac

W celu identyfikacji różnych klas ncRNA zaangażowanych w rozwój GBM, przeprowadzono sekwencjonowanie RNA i zidentyfikowano 23 cząsteczki sdRNA wykazujące zróżnicowany profil ekspresji w stosunku do tkanki zdrowej. Poziom ekspresji sdRNA porównano z ekspresją ich prekursorów – snoRNA. Jedną z cząsteczek o najwyższym poziomie ekspresji jest SNORA77 oraz powstające z niej krótkie RNA: sdRNA 1_707-5p i 1_707-3p. Wbrew doniesieniom literaturowym wskazującym na podobieństwo sdRNA do miRNA, wykazano, że badane sdRNA zlokalizowane są w jądrze, a nie cytoplazmie. Uzyskane wyniki wskazują, że w biogenezie sdRNA może brać udział białko FUS, oddziałujące bezpośrednio ze SNORA77. Wykazano także, że biogeneza sdRNA jest regulowana w warunkach hipoksji charakterystycznej dla guza mózgu, co może sugerować udział tej klasy cząsteczek RNA w mechanizmach adaptacyjnych do warunków niedotlenienia, związanych z progresją nowotworu i brakiem wrażliwości na chemio- i radioterapię.

Schemat badania.



The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

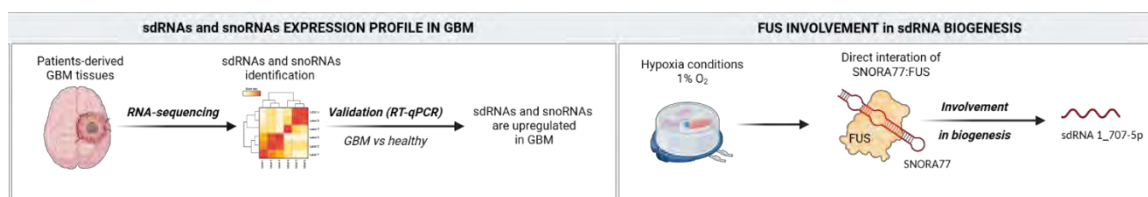
Research goal

The aim of this study was to determine the involvement of different classes of non-coding RNAs (ncRNAs) in the development and progression of glioblastoma (GBM), with particular emphasis on tumour cell invasion. In addition, the study focused on the characterization of a newly identified short RNAs- sdRNAs (sno-derived RNAs) class and their potential biogenesis.

Description of the accomplished works

To identify ncRNA classes involved in GBM development, RNA sequencing was performed, leading to the identification of 23 sdRNAs exhibiting differential expression compared to healthy tissue. The expression levels of sdRNAs were compared with those of their precursor snoRNAs. Among the most highly expressed molecules were SNORA77 and its derived sdRNAs, 1_707-5p and 1_707-3p. Contrary to literature reports suggesting similarity between sdRNAs and miRNAs, it has been shown that selected sdRNAs are localized in the nucleus, instead of the cytoplasm. The results indicate that the protein FUS, which directly interacts with SNORA77, may be involved in sdRNA biogenesis. Furthermore, sdRNA biogenesis was regulated under hypoxia characteristic of brain tumors, suggesting a potential role of this RNA's class in adaptive responses to hypoxia associated with tumour progression and resistance to chemo- and radiotherapy.

Schematic overview of the study.



1. K. Ciesielska, **D. Wawrzyniak**, G. Dutkiewicz, M. Kubicki, W. Jankowski, M. Hoffmann, **K. Kamel, K. Rolle**, D. Pluskota-Karwatka
Diastereoselective synthesis and biological evaluation of new fluorine-containing α -aminophosphonates as anticancer agents and scaffold to human urokinase plasminogen activator inhibitors
EUROPEAN JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY 2025, 283, 117116
2. **J. Latowska-Lysiak, Z. Zarebska**, M.P. Sajek, **A. Grabowska**, A. Buratin, **P. Glodowicz, J.O. Misiorek**, K. Kuczynski, S. Bartoluzzi, M. Zywicki, J.G. Kosinski, A. Rybak-Wolf, R. Przestrzeniewicz, A.M. Barciszewska, **K. Rolle**
Transcriptome-wide analysis of circRNA and RBP profiles and their molecular relevance for GBM
MOLECULAR ONCOLOGY 2025, 2270-2291
3. O. Wawrzyniak, **D. Wawrzyniak, M. Smuszkiewicz, P. Glodowicz**, A. Gotz-Wieckowska, **K. Rolle**
Exploring microRNA signatures in pediatric non-infectious uveitis: meta-analysis and molecular profiling of patient samples
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, 66, 579-600
4. A.S. Hirschfeld, **J.O. Misiorek, M. Dabrowska**, J. Muszynski, B.J. Gerhart, **M. Zenczak, M. Rakoczy, K. Rolle, P.M. Switonski**, J.S. Napierala, **L. Handschuh**, M. Napierala, M. Badura-Stronka
Spinocerebellar ataxia 27B (SCA27B)-a systematic review and a case report of a Polish family
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, 66, 895-902
5. M. Jozkowiak, **D. Wawrzyniak**, A. Kawczynska, P. Skupin-Mrugalska, M. Czajkowski, P. Mozdziak, M. Podralska, M. Zywicki, B. Kempisty, R.Z. Spaczynski, H. Piotrowska-Kempisty
The Effect of Liposomal DMU-212 on the Differentiation of Human Ovarian Granulosa Cells in a Primary 3D Culture Model
PHARMACEUTICALS 2025, 18, 1460
6. D. Dorna, **A. Grabowska**, J. Paluszczak
Natural products modulating epigenetic mechanisms by affecting histone methylation/demethylation: Targeting cancer cells
BRITISH JOURNAL OF PHARMACOLOGY 2025, 182, 2137-2158
7. K. Jaskot, A. Mielcarek, L. Popenda, A. Kertmen, B.F. Grzeskowiak, **J. Barciszewski**, P.M. Perrigue
Species-selective activation of a β -galactosidase fluorogenic probe
SCIENTIFIC REPORTS 2025, 15, 23657
8. A. Antonczyk, K. Kluzek, N. Herbich, M.E. Boroujeni, B. Krist, **D. Wronka, A. Karlik, L. Przybyl**, A. Plewinski, J. Wesoly, H.A.R. Bluysen
Identification of ALEKSIN as a novel multi-IRF inhibitor of IRF- and STAT-mediated transcription in vascular inflammation and atherosclerosis
FRONTIERS IN PHARMACOLOGY 2025, 15, 1471182
9. **M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska**, A. Niewiadomska-Cimnicka, **E. Jesion, A. Fiszer**, E. Singer-Mikosch, L. Fievet, **L. Przybyl**, N.S. Caron, M.R. Hayden, H.P. Nguyen, Y. Trottier, **M. Figiel**
CAG-targeted brain-permeable therapy tested in biallelic humanized polyQ mouse models
MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102496

10. J. Suliburska, R.S. Cholik, M. Karazniewicz-Lada, **D. Wronka**, **A. Karlik**, A. Waskiewicz, K. Skrypnik, P. Kolodziejowski, A. Cieslak, **L. Przybyl**
Impact of dietary salicylates on angiogenic factors and biochemical parameters in a rat model of preeclampsia
PLOS ONE 2025, 20, e0333543
11. **M. Sztachera**, **W. Wendlandt-Stanek**, R.A. Serwa, L. Staszek, **M. Smuszkiewicz**, **D. Wronka**, **M. Piwecka**
Interrogation of RNA-bound proteome with XRNAX illuminates molecular alterations in the mouse brain affected with dysmyelination
CELL REPORTS 2025, 44, 115095
12. **J. Barciszewski** (red.)
Decoding Aging and Neurodegeneration: The Role of Nucleic Acid
SPRINGER 2025, 16, 1-403
13. S. Ostrowska, M. Szukowska, S. Kim, Y. Kim, **D. Wawrzyniak**, R. Mrowczyński
Doxorubicin and sorafenib release from mesoporous silica nanoparticles coated with polydopamine – influence of mechanical and chemical stimuli on the process
FRONTIERS IN COATINGS, DYES AND INTERFACE ENGINEERING 2025, 3

Prace przyjęte do druku

- D. Wawrzyniak**, K. Zielinkiewicz, E. Mijowska, **K. Rolle**, E. Czarniewska
Influence of 3-, 4- and 6-layered borophene on biocompatibility with “non-professional” human phagocytes
EUROPEAN JOURNAL OF PHARMACEUTICAL SCIENCES, DOI: 10.1016/j.ejps.2025.107335

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Walcząc z inwazyjnością glejaka: Kompleksowe profilowanie transkryptomu glejaka wielopostaciowego w przestrzeni i czasie na podstawie organoidowego modelu inwazji nowotworowej; (CANALETTO)
Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN
2. Biodrukowane organoidy nowotworowe utworzone z komórek pacjenta do predykcyjnych badań toksykologicznych i opracowywania nowych leków; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Dariusz Wawrzyniak
3. Testowanie strategii terapeutycznej przywracającej ekspresję genu SMN1 w ludzkich neuronach ruchowych; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr inż. Magdalena Surdyka
4. Źródła energii w organoidach glejaka: Mapowanie lokalizacji i aktywności mitochondriów w zróżnicowanych warunkach tlenowych; (MINIATURA)
Kierownik projektu: dr Konrad Kuczyński



**Kierownik Zakładu: dr hab. Magdalena Łuczak,
prof. ICHB PAN (1 STATUT)³⁴**

Skład osobowy³⁵

Pracownicy naukowcy:

prof. dr hab. Maciej Figiel (0,8 STATUT/0,2 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Marta Nolka-Szaszner (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Bożena Bołaz (stypendium NCN)

mgr Salma Ilhami (stypendium NCN)

mgr Raneet Sen (stypendium NCN)

Pracownia Spektrometrii Mas

Kierownik: dr Łukasz Marczak (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy naukowcy:

dr Kamil Frąckowiak (1 GRANTY)

dr hab. inż. Anna Wojakowska, prof. ICHB PAN (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr inż. Aleksander Strugała (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr inż. Daniel Fochtman (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Optymalizacja i zastosowanie przesiewowych i celowanych metod proteomicznych w badaniach biomedycznych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem prowadzonych badań była identyfikacja mechanizmów molekularnych przyspieszonego rozwoju miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek oraz analizy mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku mnogim. Ponadto finalizowano opracowywanie strategii terapeutycznej ukierunkowanej na powtórzenia CAG w chorobach poliQ.

Opis zrealizowanych prac

Przeanalizowano krótkotrwały i długotrwały wpływ toksyn mocznicowych na komórki śródbłónka aorty w układzie *in vitro* oraz *in vivo*. Długoterminowe skutki ekspozycji zbadano w próbkach aorty

³⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁵ Stan na 31.12.2025 r.

pobranych od pacjentów z dysfunkcją lub bez dysfunkcji nerek. Ujawnione efekty wykazały zmiany białek szlaków odpowiedzi na uszkodzenia DNA.

Opublikowano wyniki uzyskane w latach ubiegłych w ramach współpracy z Uniwersytetem Medycznym w Poznaniu, dotyczące oporności na leczenie w szpiczaku mnogim (*Journal of Applied Genetics*).

Opracowano terapię opartą o konstrukty AAV-shRNA selektywnie ukierunkowaną na sekwencje CAG oraz o zwiększonej zdolności pokonywania bariery krew–mózg. Skuteczność strategii oceniono w humanizowanych modelach mysich choroby Huntingtona i ataksji typu SCA3. Terapia skutkowała znaczącą redukcją patologicznych transkryptów i agregatów białek w ośrodkowym układzie nerwowym oraz niską toksycznością w porównaniu do innych metod opartych o shRNA (*Molecular Therapy Nucleic Acids*).

Przeprowadzono proteomiczną klasyfikację odrzucania przeszczepu nerki zależnego od limfocytów T na podstawie biopsji. Zidentyfikowano i zwalidowano panel biomarkerów wspierających diagnostykę przypadków „borderline” (*Journal of Translational Medicine*).

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Identification of molecular mechanisms of accelerated atherosclerosis in chronic kidney disease. Investigation of the mechanisms of acquired resistance to proteasome inhibitors in multiple myeloma. Elaboration of therapeutic strategy targeting the CAG repeats in polyQ diseases.

Description of the accomplished works

The short- and long-term effects of uremic toxins on aortic endothelial cells were analysed *in vitro* and *in vivo*. The long-term effects of exposure on endothelial cells were examined in aortic samples from patients with or without renal dysfunction. Revealed effects demonstrated alterations of proteins of the DNA-damage response pathways.

The results of studies obtained in the previous years, in collaboration with the Poznań University of Medical Sciences, regarding resistance to therapy in multiple myeloma, have been published mnogim (*Journal of Applied Genetics*).

A therapy based on AAV-shRNA constructs was developed that selectively targets CAG sequences and has an enhanced ability to cross the blood-brain barrier. The effectiveness of this strategy was assessed in humanized mouse models of Huntington's disease and SCA3 ataxia. The therapy resulted in a significant reduction of pathological CAG-expansion transcripts and protein aggregates in the central nervous system, with diminished toxicity compared to other tested shRNAs (*Molecular Therapy Nucleic Acids*).

Proteomic classification of T-cell-mediated renal transplant rejection based on biopsy was performed. A panel of biomarkers was identified and validated to support the diagnosis of “borderline” cases (*Journal of Translational Medicine*).

Publikacje

1. **M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska, A. Niewiadomska-Cimnicka, E. Jesion, A. Fiszer, E. Singer-Mikosch, L. Fievet, L. Przybyl, N.S. Caron, M.R. Hayden, H.P. Nguyen, Y. Trottier, M. Figiel** CAG-targeted brain-permeable therapy tested in biallelic humanized polyQ mouse models MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102496
2. **D. Kania, D. Fochtman, L. Skoczylas, M. Gawin, L. Marczak, A. Kurczyk, K. Fidyk, A. Perkowska-Ptasinska, E. Chmielnik, A. Debska-Slizien, J. Golebiewska, A. Wojakowska, M. Pietrowska**

Biopsy proteome-based classification of T cell-mediated kidney allograft rejection

JOURNAL OF TRANSLATIONAL MEDICINE 2025, 23, 1139

3. I. Gorodetska, V. Lukiyanichuk, M. Gawin, M. Sliusar, A. Linge, F. Lohaus, T. Holscher, K. Erdmann, S. Fuessel, A. Borkowetz, **A. Wojakowska, D. Fochtman**, M. Reardon, A. Choudhury, Y. Antonelli, A. Leal-Egana, A.S. Koseer, U. Kahya, J. Puschel, A. Petzold, D. Klusa, C. Peitzsch, R. Kronstein-Wiedemann, T. Tonn, **L. Marczak**, C. Thomas, P. Widlak, M. Pietrowska, M. Krause, A. Dubrowska
Blood-based detection of MMP11 as a marker of prostate cancer progression regulated by the ALDH1A1-TGF- β 1 signaling mechanism
JOURNAL OF EXPERIMENTAL AND CLINICAL CANCER RESEARCH 2025, 44, 105
4. A. Szuba, W.B. Zukowska, J. Mucha, **A. Strugala, L. Marczak**
Low Temperature Enhances N-Metabolism in *Paxillus involutus* Mycelia In Vitro: Evidence From an Untargeted Metabolomic Study
ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY 2025, 27, e70162
5. M.K. Tiwari, M. Kucinska, A. Zgola-Grzeskowiak, M. Raeispour, M. Murias, P. Grellier, **L. Marczak**, T. Goslinski
Design, synthesis and *in vitro* assessment of *di-/tri*-methoxy-aryl-substituted mono-spiro-1,2,4,5-tetraoxanes for antiplasmodial and anticancer use
EUROPEAN JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY 2025, 300, 118259
6. J.J. Rybczynski, **L. Marczak**, K. Skorkowska-Telichowska, **M. Stobiecki**, J. Szopa, A. Mikula
Cell Suspension of the Tree Fern *Cyathea smithii* (J.D. Hooker) and Its Metabolic Potential During Cell Growth: Preliminary Studies
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2025, 26, 11683
7. M. Wegrzyn, M. Adamiec-Organisciok, A. Dawicka, **D. Fochtman**, S. Galecki, N. Magate, K. Bartel, D. Gendosz de Carrillo, E. Witek-Zelazny, M. Skonieczna
Understanding variability in cell death modes and sensitivity: Potential implications for targeted cancer therapies
EXPERIMENTAL CELL RESEARCH 2025, 451, 114688

Prace przyjęte do druku

1. K. Zylka, **M. Luczak**, M. Kostrzevska-Poczekaj, K. Bednarek, A. Bolomsky, T. Kubicki, M. Jarmuz-Szymczak, H. Ludwig, D. Dytfeld
Carfilzomib resistance in multiple myeloma: A comparative metabolomic analysis
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, DOI: 10.1007/s13353-025-01022-x
2. P. Rybczynski, R. Cacała, A. Cepil, E. Fic, W. Romanska, **L. Marczak**, K. Pustelny, S. Kedracka-Krok
Contrasting Effects of Clozapine and Risperidone on Cholesterol Metabolism, Synaptic Proteins, and Transcriptional Regulation in Human LUHMES Neurons
MOLECULAR NEUROBIOLOGY, DOI: 10.1007/s12035-025-05515-y

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Kompleksowa analiza fosfoproteomiczna komórek NKT w kontekście roli mechanizmów fosforylacji w progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN

2. Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji; (JPND Call 2022)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Maciej Figiel

3. Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Maciej Figiel

4. Proteomiczne predyktory przerzutowania w raku jelita grubego – badania walidacyjne; (OPUS)
Projekt realizowany w konsorcjum (lider ICHB PAN)

Kierownik projektu: dr hab. inż. Anna Wojakowska, prof. ICHB PAN

5. Dlaczego komórki stają się mniejsze, aby przeżyć? Analiza komórek tytoniu BY2 zaadaptowanych do warunków stresu osmotycznego i solnego w poszukiwaniu kluczowych czynników regulujących gospodarkę energią, molekularną homeostazę i wielkość komórek; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Instytut Dendrologii PAN w Kórniku (kierownik projektu: dr Agnieszka Szuba)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Łukasz Marczak

6. Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Gdański Uniwersytet Medyczny (kierownik projektu: dr hab. Justyna Gołębiowska)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. inż. Anna Wojakowska, prof. ICHB PAN

7. Identyfikacja gatunkowa zwierzęcych szczątków kostnych ze stanowisk archeologicznych za pomocą spektrometrii mas; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr inż. Aleksander Strugała

Zakład Struktury i Funkcji RNA



Kierownik Zakładu: dr hab. Katarzyna Pachulski-Wieczorek, prof. ICHB PAN
(0,45 STATUT/0,55 GRANTY)³⁶

Skład osobowy³⁷

Pracownicy naukowcy:

dr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska (1 STATUT)

dr Julita Gumna-Mikina (0,4 STATUT/0,6 GRANTY)

dr inż. Paweł Śledziński (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Ewa Tykwińska (stypendium ICHB PAN)

Temat statutowy Zakładu

Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów (K)

³⁶ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁷ Stan na 31.12.2025 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Badania zależności między strukturą RNA i jego funkcją w procesach komórkowych oraz replikacji wirusów.

Opis zrealizowanych prac

Kontynuowano prace nad wyjaśnieniem korelacji pomiędzy strukturą drugorzędową mRNA *in vivo* a jego stabilnością, efektywnością translacji, funkcją i lokalizacją komórkową. Badania prowadzono w skali transkryptomowej z wykorzystaniem wyskoprzepustowych metod chemicznego mapowania struktury RNA, sekwencjonowania NGS i zaawansowanych analiz bioinformatycznych. Modelem badawczym były drożdże *S. cerevisiae*. Opracowano metodę pozwalającą na redukcję poziomu rRNA w całkowitym RNA drożdży do zaledwie 10%, co umożliwiło znaczne zwiększenie jakości uzyskiwanych danych strukturalnych (*Scientific Reports*). We współpracy z Politechniką Poznańską prowadzono prace nad utworzeniem ogólnodostępnej bazy zawierającej informacje o strukturze drugorzędowej mRNA drożdży. Jednocześnie w ramach współpracy z innymi zakładami ICHB PAN oraz jednostkami zewnętrznymi wykorzystywano opracowaną w zakładzie metodologię do badań strukturalnych indywidualnych ludzkich RNA oraz RNA wirusów. Ukończono realizowany w ramach międzynarodowego konsorcjum Yscript projekt ukierunkowany na opracowanie pierwszej metody bioprodukcji mRNA dla celów terapeutycznych.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Understanding the relationship between RNA structure and its function in cellular processes and virus replication.

Description of the accomplished works

Work continued to elucidate the correlation between mRNA secondary structure *in vivo* and its stability, translation efficiency, function, and cellular localization. Research was conducted at the transcriptome scale, using high-throughput chemical RNA structure mapping methods, NGS sequencing, and advanced bioinformatics analyses. The research model was the yeast *S. cerevisiae*. A method was developed to reduce the rRNA content of total yeast RNA to 10%, significantly improving the quality of the resulting structural data (*Scientific Reports*). In collaboration with the Poznan University of Technology, work was underway to create a publicly available database of yeast mRNA secondary structure information. Simultaneously, in collaboration with other departments of the ICHB PAS and external institutions, the methodology developed at the department was utilized for structural studies of individual human and viral RNAs. The project aimed at developing the first method of mRNA bioproduction for therapeutic purposes, carried out within the international Yscript consortium, has been completed.

Publikacje

A. Andrzejewska-Romanowska, E. Tykwinska, P. Sledzinski, K. Pachulska-Wieczorek

A comparative analysis of mRNA enrichment strategies and guidance for improving their efficiency
SCIENTIFIC REPORTS 2025, 15, 17890

Prace przyjęte do druku

J. Gumna-Mikina, A. Andrzejewska-Romanowska, M. Antczak, M. Szachniuk, E. Tykwinska, K. Pachulska-Wieczorek

A retroelement-derived mammalian Arc protein exhibits selective RNA recognition and nucleic acid chaperone functions

RESEARCH SQUARE, DOI: 10.21203/rs.3.rs-6767839/v1

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Centre National de la Recherche Scientifique, Francja (kierownik projektu: prof. Chantel Pichon)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN

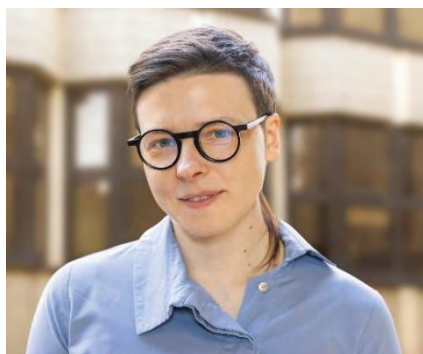
2. Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej oraz identyfikacja wpływu czynników komórkowych na strukturę RNA w *S. cerevisiae*; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN

3. Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; (PRELUDIUM)

Kierownik projektu: dr inż. Angelika Andrzejewska-Romanowska

Zakład Badań Strukturalnych RNA



**Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Kiliszek,
prof. ICHB PAN (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)³⁸**

Skład osobowy³⁹

Pracownicy naukowci:

prof. dr hab. Wojciech Rypniewski (0,3 STATUT/0,7 GRANTY)

Pracownicy techniczni

mgr Martyna Mateja-Pluta (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Faizan Faizan (stypendium NCN)

mgr Bogna Pinkiewicz (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Badania zależności między strukturą i funkcją biomolekuł (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Analiza strukturalna kompleksów syntetycznego związku NCD (dimer karbaminianu naftyrydyny) z cząsteczkami RNA powiązanymi z patogenezą chorób neurodegeneracyjnych oraz endopeptydazy z bakteriofaga Tt72.

³⁸ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

³⁹ Stan na 31.12.2025 r.

Opis zrealizowanych prac

Zaprojektowano i zsyntetyzowano cząsteczki RNA, które posiadają miejsce wiązania syntetycznej cząsteczki NCD. Kompleksy RNA-NCD poddano analizie strukturalnej metodą krystalografii rentgenowskiej, jak również ewaluowano je metodami biofizycznymi. Na podstawie uzyskanych wyników weryfikowano zmiany struktury i stabilności cząsteczek RNA zachodzące pod wpływem liganda (*Nucleic Acids Research*).

Scharakteryzowano również endopeptydazę z bakteriofaga Tt72 pod kątem struktury, aktywności enzymatycznej i stabilności termodynamicznej. Białko jest wysoce termostabilne ($T_m = 98^\circ\text{C}$), chociaż nie wykazują tego powszechnie stosowane kryteria termostabilności, oparte na analizie sekwencji aminokwasowej. Duża część cząsteczki tworzy niespotykany wcześniej spłot, który prawdopodobnie odpowiada za stabilność cząsteczki (*Journal of Structural Biology*).

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Structural analysis of complexes of the synthetic compound NCD (naftyrindine carbamate dimer) with RNA molecules associated with the pathogenesis of neurodegenerative diseases, and the endopeptidase from bacteriophage Tt72.

Description of the accomplished works

Designing and synthesizing RNA molecules that contain a binding site for the synthetic compound NCD. The RNA–NCD complexes were then subjected to structural analysis using X-ray crystallography, and they were also evaluated using biophysical methods. Based on the obtained results, structure and stability changes in the RNA molecules induced by the ligand were assessed (*Nucleic Acids Research*).

An endopeptidase from bacteriophage Tt72 has also been characterised in terms of structure, enzymatic activity and thermodynamic stability. The protein is highly thermostable ($T_m = 98^\circ\text{C}$), although the common sequence-based criteria fail to identify it as such. A large part of the molecule consists of a fold that has not been described before. This is the likely cause of the protein's thermostability (*Journal of Structural Biology*).

Publikacje

1. **M. Mateja-Pluta, L. Blaszczyk, M. Bejger, K. Nakatani, A. Kiliszek**
Naphthyrindine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and exhibits a molecular glue characteristics in crystal lattice formation
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf924
2. S. Dorawa, **K. Biniek-Antosiak, M. Bejger, A-K. Kaczorowska, K. Ciuchcinski, A. Godlewska, M. Plotka, G.O. Hreggvidsson, L. Dziewit, T. Kaczorowski, W. Rypniewski**
Crystal structure, enzymatic and thermodynamic properties of the *Thermus thermophilus* phage Tt72 lytic endopeptidase with unique structural signatures of thermal adaptation
JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY 2025, 217, 108230

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; (SONATA BIS)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN

2. Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-ligand. W kierunku racjonalnego projektowania cząsteczek wiodących w rozwoju terapii chorób neurodegeneracyjnych; (OPUS)

Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN

3. Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemioterapii przeciwrzybowej; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Gdańska (kierownik projektu: dr hab. Iwona Gabriel)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Wojciech Rypniewski

Zakład Biologii Komórek Nerwowych



Kierownik Zakładu: dr inż. Paweł Świtoński (1 STATUT)⁴⁰

Skład osobowy⁴¹

Doktoranci:

mgr Grażyna Jamróg (stypendium ICHB PAN)

Temat statutowy Zakładu

Badania mechanizmów odpowiedzialnych za selektywną dysfunkcję neuronów w chorobach neurodegeneracyjnych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem badań było zrozumienie transkryptomicznych i epigenetycznych mechanizmów leżących u podstaw selektywnej wrażliwości neuronów w chorobach neurodegeneracyjnych.

Opis zrealizowanych prac

W badaniach nad selektywną wrażliwością neuronów przeprowadzono analizę zmian histonowych i aktywności polimerazy II w genomie mysiego modelu SCA7, wykorzystując metodę Cut&Tag dla H3K9ac i PolII. Wyniki wykazały, że komórki Purkiniego od myszy SCA7 różnią się od komórek myszy typu dzikiego siłą sygnału w genach kluczowych dla funkcjonowania tych komórek, co wspiera hipotezę, że zaburzenia chromatyny prowadzą do deregulacji transkrypcji. Równolegle, badania transkryptomiczne na modelach komórkowych choroby Huntingtona wykazały powtarzalne wzory zmian transkrypcyjnych w czasie, wskazując na wczesną rolę deregulacji transkrypcyjnej w rozwoju choroby. Dodatkowo przeprowadzono multi-modalne profilowanie epigenetyczne jądra komórek Purkiniego

⁴⁰ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴¹ Stan na 31.12.2025 r.

(nano-CUT&Tag, ATAC, H3K9ac, H3K27me3) w mózdkach myszy SCA7-266Q pre-symptomatycznych i symptomatycznych oraz myszy kontrolnych, z dwóch regionów mózdku, na poziomie pojedynczych komórek. Otrzymane biblioteki zsekwencjonowano i wykonano wstępną analizę jakości danych.

Dodatkowo prowadzono prace nad opracowaniem i wdrożeniem testu w kierunku diagnostyki SCA27B oraz zintegrowaną analizę publicznie dostępnych danych snRNAseq dla chorób neurodegeneracyjnych.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

The aim of the study was to understand the transcriptomic and epigenetic mechanisms underlying the selective vulnerability of neurons in neurodegenerative diseases.

Description of the accomplished works

In the studies on the selective vulnerability of neurons, we analyzed histone modifications and RNA polymerase II activity in the genome of a mouse SCA7 model, using the Cut&Tag method for H3K9ac and PolII. The results showed that Purkinje cells from SCA7 mice differed from cells from wild-type mice in signal strength at genes critical for their function, supporting the hypothesis that chromatin disturbances lead to transcriptional deregulation. Concurrently, transcriptomic studies in Huntington's disease cellular models revealed reproducible temporal patterns of transcriptional changes, indicating an early role of transcriptional dysregulation in disease progression. Additionally, multi-modal epigenetic profiling of Purkinje cell nuclei was performed (nano-CUT&Tag, ATAC, H3K9ac, H3K27me3), from pre-symptomatic and symptomatic SCA7-266Q mice, as well as control mice, across two cerebellar regions, at single-cell resolution. The resulting libraries were sequenced and underwent preliminary quality analysis.

Publikacje

1. A.S. Hirschfeld, J.O. Misiorek, M. Dabrowska, J. Muszynski, B.J. Gerhart, M. Zenczak, M. Rakoczy, K. Rolle, P.M. Switonski, J.S. Napierala, L. Handschuh, M. Napierala, M. Badura-Stronka
Spinocerebellar ataxia 27B (SCA27B)-a systematic review and a case report of a Polish family
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, 66, 895-902
2. E. Kozłowska, A. Ciolak, G. Adamek, J. Szczesniak, A. Fiszer
HTT loss-of-function contributes to RNA deregulation in developing Huntington's disease neurons
CELL AND BIOSCIENCE 2025, 15, 100

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; (SONATA)
Kierownik projektu: dr inż. Paweł Świtoński
2. Multiomiczna charakterystyka procesów neurodegeneracji w Zebrin-II pozytywnych i Zebrin-II negatywnych komórkach Purkiniego; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: mgr Grażyna Jamróg



Kierownik Zakładu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN (1 GRANTY)⁴²

Skład osobowy⁴³

Pracownicy naukowcy:

dr Tomasz Mądry (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Mohammad Yaghmouri (1 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Zastosowanie metod obliczeniowych do identyfikacji genów niekodujących białek w genomach kręgowców (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Kompleksowa adnotacja genomów kręgowców z wykorzystaniem sekwencjonowania RNA o pełnej długości.

Opis zrealizowanych prac

Dokładna i kompletna adnotacja genów jest kluczowa dla zrozumienia funkcji biologicznych genomu. Od wielu lat, wraz z konsorcjum GENCODE rozwijamy referencyjne adnotacje genomów człowieka i myszy, stanowiące fundament badań biomedycznych i genomowych. Pomimo tego istotne klasy genów regulacyjnych, w szczególności długie niekodujące RNA (lncRNA), pozostawały tylko fragmentarycznie opisane. W celu wypełnienia tej luki przeprowadzono najbardziej kompleksowe jak dotąd przedsięwzięcie adnotacji lncRNA, oparte na ręcznej analizie transkryptów pełnej długości uzyskanych metodami sekwencjonowania długich odczytów z odpowiadających sobie tkanek embrionalnych i dorosłych człowieka oraz myszy. W efekcie dodano 17 931 nowych transkryptów u człowieka i 22 784 u myszy, znacząco zwiększając liczbę znanych transkryptów i poprawiając funkcjonalną interpretację genomu, m.in. poprzez przypisanie milionów wcześniej „osieroconych” sygnałów „omicznych”. Równolegle rozszerzono adnotacje transkryptomiczne u danio pręgowanego z wykorzystaniem CapTrap-seq, metody umożliwiającej identyfikację cząsteczek RNA o pełnej długości. Wprowadzenie etapu selekcji wielkości pozwoliło na precyzyjne określenie granic transkryptów i wariantów splicingowych, ustanawiając wysokoprzepustowe i dokładne podejście do adnotacji genomów organizmów poniżej gromady ssaków.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Comprehensive annotation of vertebrate genomes using full-length RNA sequencing.

⁴² W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴³ Stan na 31.12.2025 r.

Description of the accomplished works

Accurate and complete gene annotation is essential for understanding the biological functions encoded by the genome. For many years, together with other members of the GENCODE consortium we have developed reference annotations for the human and mouse genomes, which constitute a foundation for biomedical and genomic research worldwide. Despite this progress, important classes of regulatory genes, in particular long non-coding RNAs (lncRNAs), remained only fragmentarily described. To address this gap, the most comprehensive lncRNA annotation effort to date was undertaken, based on manual analysis of full-length transcripts generated by long-read sequencing from matched embryonic and adult tissues in human and mouse. As a result, 17,931 novel transcripts were added in human and 22,784 in mouse, substantially increasing the number of known transcripts and improving the functional interpretability of the genome, including the assignment of millions of previously “orphan” omics signals. In parallel, transcriptomic annotations were expanded in zebrafish using CapTrap-seq, a method enabling the identification of full-length RNA molecules. The introduction of a size-selection step allowed precise delineation of transcript boundaries and splicing variants, establishing a high-throughput and accurate approach for genome annotation in organisms outside the mammalian clade.

Publikacje

1. J.M. Mudge, S. Carbonell_Sala, M. Diekhans, J.G. Martinez, T. Hunt, I. Jungreis, J.E. Loveland, C. Arnan, I. Barnes, R. Bennet, ..., **B. Uszczyńska-Ratajczak**, ..., A. Frankish
GENCODE 2025: reference gene annotation for human and mouse
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, D966-D975
2. **T. Madry**, J. Gajewy, M. Kwit
Dynamic Point-to-Helical and Point-to-Axial Chirality Transmission and Induction of Optical Activity in Multichromophoric Systems: Basic Principles and Relevant Applications in Chirality Sensing
SYMMETRY 2025, 17, 293

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Funkcjonalne czy niefunkcjonalne? Analiza pozycyjnie zachowanych ortologów długich niekodujących RNA w genomach kręgowców w rozdzielczości subkomórkowej; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN
2. Skocz do akcji z hukiem: Badanie zasad importu długiego niekodującego RNA do mitochondriów i jego biologicznego znaczenia; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN
3. Gra w ogony: Zrozumienie roli przetwarzania 3'-końca długich niekodujących RNA podczas rozwoju danio pręgowanego; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: dr inż. Monika Kwiatkowska



Kierownik Zakładu: dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN
(0,75 STATUT/ 0,25 GRANTY)⁴⁴

Skład osobowy⁴⁵

Pracownicy naukowcy:

dr inż. Magdalena Bejger (1 STATUT)

dr Piotr Małecki (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Paulina Borysiuk (stypendium NCN)

mgr Katarzyna Woźniak (1 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

Badania strukturalne makromolekuł oraz małych cząsteczek i związków bioaktywnych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Celem zadania była analiza strukturalna SAH-ryboprzełącznika z *Pseudomonas aeruginosa*.

Opis zrealizowanych prac

Opracowano warunki przygotowania próbki ryboprzełącznika na pomiary z wykorzystaniem wysoko-rozdzielczej mikroskopii w warunkach kriogenicznych. W oparciu o zarejestrowane mikrografie zrekonstruowano strukturę ryboprzełącznika w kompleksie z ligandem (S-adenozyl-L-homocysteina, SAH) oraz bez liganda. Pomimo licznych rund optymalizacji warunków do przygotowania próbki, zrekonstruowane struktury cechuje średnia rozdzielczość, rzędu 6-8 Å. Badania strukturalne wykazały, że SAH-ryboprzełącznik jest cząsteczką o znacznej elastyczności. Ponadto udało się zaobserwować zmiany konformacyjne ryboprzełącznika, które zachodzą w trakcie wiązania liganda.

Wyniki przedstawiono w manuskrypcie publikacji (przygotowywany do wysłania):

K. Woźniak, A. Ruszkowska, J. Sarzyńska, M. Popenda, M. Antczak, M. Jaciuk, M. Ruszkowski, E. Kierzek, P.H. Małecki, J. M. Wojnicka, J. Nowak, S. Glatt, M. Szachniuk, K. Brzeziński. *De novo reconstruction of RNA structures for tracing medium-resolution cryo-EM density maps showcased on a SAH riboswitch at 5.9 Å.*

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

The aim of the research was structural study of SAH-sensing riboswitch from *Pseudomonas aeruginosa*.

Description of the accomplished works

Conditions for preparing a riboswitch sample for high-resolution cryogenic microscopy measurements were developed. Based on the recorded micrographs, the structure of the riboswitch was reconstructed in complex with a ligand (S-adenosyl-L-homocysteine, SAH), and in the absence of the ligand. Despite several rounds of optimization of sample preparation conditions, the reconstructed structures exhibited

⁴⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁵ Stan na 31.12.2025 r.

medium resolution, ranging from 6 to 8 Å. Structural studies demonstrated that the SAH riboswitch is a highly flexible molecule. Furthermore, conformational changes in the riboswitch that occur during ligand binding were observed.

Results presented in a publication manuscript (being prepared to be sent to the editor):

K. Wozniak, A. Ruszkowska, J. Sarzynska, M. Popenda, M. Antczak, M. Jaciuk, M. Ruszkowski, E. Kierzek, P.H. Malecki, J. M. Wojnicka, J. Nowak, S. Glatt, M. Szachniuk, K. Brzezinski. *De novo* reconstruction of RNA structures for tracing medium-resolution cryo-EM density maps showcased on a SAH riboswitch at 5.9 Å.

Publikacje

1. A. Chyzy, P. Gnatowski, E. Pilat, M. Sienkiewicz, **K. Wozniak, M. Wojnicka, K. Brzezinski**, M.E. Plonska-Brzezinska
Formation and Characterization of Xylitol-Modified Glycidyl Methacrylate-co-Ethyl Methacrylate Matrices for Controlled Release of Antimicrobial Compounds
MOLECULES 2025, 30, 3083
2. M.E. Plonska-Brzezinska, J. Breczko, D. Pawelski, J.C.Z. Gardona, A. Frago, **K. Brzezinski**, A.P. Terzyk
Enhancing hydrophilic properties of spherical C(sp²)-hybridized carbon nanostructures through the targeted oxidation of their outer layer
APPLIED SURFACE SCIENCE ADVANCES 2025, 30, 100906
3. S. Dorawa, **K. Biniek-Antosiak, M. Bejger**, A-K. Kaczorowska, K. Ciuchcinski, A. Godlewska, M. Plotka, G.O. Hreggvidsson, L. Dziewit, T. Kaczorowski, **W. Rypniewski**
Crystal structure, enzymatic and thermodynamic properties of the *Thermus thermophilus* phage Tt72 lytic endopeptidase with unique structural signatures of thermal adaptation
JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY 2025, 217, 108230
4. **M. Mateja-Pluta, L. Blaszczyk, M. Bejger**, K. Nakatani, **A. Kiliszek**
Naphthyridine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and exhibits a molecular glue characteristics in crystal lattice formation
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf924
5. **M. Gilski**, M.R. Maurya, B. Nocek, **K. Brzezinski**
Editorial: The influence of metal ions and their complexes on the function and structure of biological macromolecules
FRONTIERS IN CHEMISTRY, 2025, 13, 1563537

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z *Pseudomonas aeruginosa* poprzez wpływ na dynamikę enzymu; (SONATA BIS)⁴⁶
Kierownik projektu: dr hab. Krzysztof Brzeziński
2. Bazujące na podstawie informacji strukturalnej opracowanie inhibitorów demetylaz histonów dla terapii przeciwnowotworowej; (SONATA)
Kierownik projektu: dr Piotr Malecki

⁴⁶ Projekt realizowany w ICHB od 1.10.2020 r.

3. W kierunku wysokorozdzielczej struktury nietypowej glikozylotransferazy z patogennej bakterii *Pseudomonas aeruginosa* – pomiary metodą Cryo-EM; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr inż. Magdalena Bejger

Zakład Biololekularnego NMR



Kierownik Zakładu: dr Witold Andrałowicz (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)⁴⁷

Skład osobowy⁴⁸

Pracownicy naukowcy:

prof. dr hab. Zofia Gdaniec (0,2 STATUT)

dr Dorota Gudanis-Sobocińska (1 STATUT)

Doktoranci:

mgr Aleksandra Cioch-Biniaś (stypendium ICHB PAN)

mgr Aleksandra Pawłowicz-Perczak (1 STATUT)

mgr Mikołaj Podlewski (stypendium NCN)

mgr Ewa Połomska (stypendium NCN)

mgr Amadeusz Woś (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownia NMR

Kierownik: dr Karol Pasternak (0,9 STATUT/0,1 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Daniel Baranowski (1 STATUT)

dr Karolina Zielińska (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Anna Teubert (0,5 GRANTY)

Temat statutowy Zakładu

Badania struktury i dynamiki i oddziaływań kwasów nukleinowych metodami biomolekularnego NMR (M)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Zrozumienie roli silnego i specyficznego wiązania jonów metali w kształtowaniu struktur przestrzennych kwasów nukleinowych.

Opis zrealizowanych prac

Prowadzone badania koncentrowały się na dwóch rodzinach cząsteczek DNA zdolnych do tworzenia specyficznych oddziaływań z jonami metali: G-kwadrupleksach oraz aptamerach wiążących jony lantanowców. W ramach pierwszego nurtu badań scharakteryzowano topologie struktur G-kwadrupleksowych tworzonych przez zestaw 64 modelowych układów DNA o wzorze ogólnym GGT1-4GGT1-

⁴⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁴⁸ Stan na 31.12.2025 r.

4GGT1-4GG w obecności jonów K^+ oraz Na^+ . Otrzymany w ten sposób zestaw danych pozwolił po raz pierwszy na opisanie w systematyczny sposób wpływu zarówno długości pętli jak i typu obecnego kationu na liczbę, cząsteczkowość oraz topologię struktur kwadруплексowych składających się z jedynie dwóch G-tetrad. Rozpoczęto również pionierskie badania strukturalne G-kwadруплексów stabilizowanych jonami Pb^{2+} . Wstępne wyniki wskazują na wyjątkową zdolność tego kationu do preferencyjnej stabilizacji jednocząsteczkowych G-kwadруплексów. Równolegle kontynuowano badania strukturalne kompleksów jonów lantanowców z niekanonicznymi parami w helisach DNA oraz rozpoczęto badania nowo odkrytego aptameru Sc1.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Characterizing the role of site-specific metal ion binding in shaping the spatial structures of nucleic acids.

Description of the accomplished works

This year the Department's research focused on two families of DNA structures capable of site-specific interactions with metal ions: G-quadruplexes and lanthanide-binding aptamers. Within the first branch of research, the topologies of G-quadruplex structures formed by a set of 64 model DNA systems of the type GGT1-4GGT1-4GGT1-4GG in the presence of K^+ and Na^+ ions were characterized. The obtained dataset allowed us to systematically describe the influence of both the loop lengths and of the type of ion present on the number, molecularity, and topology of G-quadruplex structures composed of two G-tetrads. Also, pioneering structural studies of G-quadruplexes stabilized by Pb^{2+} ions were initiated. Initial results demonstrate a unique ability of this cation to preferentially induce unimolecular G-quadruplex structures. In parallel, structural studies of complexes between lanthanide ions and non-canonical base pairs in DNA helices were continued. A new project was also initiated within the same vein of research, aiming at solving the spatial structure of the newly-discovered Sc1 aptamer.

Publikacje

1. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine: influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes
RNA 2025, 31, 86–99
2. **I. Yildirim, W. Andralojc, A. Taghavi, D. Baranowski, Z. Gdaniec, R. Kierzek, E. Kierzek**
Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkae1222
3. **T. Laskowski, M. Kosno, W. Andralojc, J. Pakula, R. Stojalowski, J. Borzyszkowska-Bukowska, E. Paluszkiewicz, Z. Mazerska**
The interactions of Pu22 G-quadruplex, derived from *c-MYC* promoter sequence, with antitumor acridine derivatives-An NMR/MD combined study
MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102513

4. M. Zurkowski, M. Marusic, **D. Gudanis-Sobocinska**, **M. Szachniuk**
Detecting polynucleotide motifs: Pentads, hexads, and beyond
PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY 2025, 21, e1013633
5. T. Laskowski, F. Anaszewicz, J. Borzyszkowska-Bukowska, J. Pakula, M. Michalowska, J. Bublewska, **D. Gudanis-Sobocinska**, K. Kozłowska-Tylingo, P. Szczęblewski
Isolation, structure revision and stereochemistry of trichomycins A and B, aromatic analogues of amphotericin B
SCIENTIFIC REPORTS 2025, 15, 44862
6. **M. Nalewaj**, **J. Sliwiak**, **K. Zielinska**, **P. Zmora**, D. Niedzialek, G. Wieczorek, **E. Kierzek**, **M. Szabat**
The interaction of RNA G-quadruplexes from the influenza A virus vRNA with TMPyP4 and BRACO-19 ligands
PLOS ONE 2025, 20, e0335975
7. **J. Lisowiec-Wachnicka**, **K. Zielinska**, **A. Pasternak**
Highly Specific Inhibition of *c-Myc* Oncogene Expression through Shifting the G-Quadruplex toward a Triplex Structure
JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY 2025, 68, 24424-24435
8. K. Stachowiak, M. Zabiszak, **A. Teubert**, R. Jastrzab
Potentiometric and spectroscopic characterization of uridine and its derivatives complexes
SCIENTIFIC REPORTS 2025, 15, 33510

Projekty realizowane w Zakładzie i Pracowni w 2025 r.

1. Oligonukleotydy wiążące lantanowce (OWL) jako znaczniki paramagnetyczne w spektroskopii NMR kwasów nukleinowych; (OPUS)

Kierownik projektu: dr Witold Andrałojć

2. Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą, jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupleksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Gdańska (kierownik projektu: dr hab. inż. J. Czub)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: prof. dr hab. Zofia Gdaniec

3. Synteza i badania strukturalne/biofizyczne modelowych oligomerów mRNA/mt-tRNA w celu określenia roli modyfikowanych nukleozydów (m5C, hm5C, f5C, ca5C, m1G) w translacji i chorobach człowieka; (OPUS) – projekt realizowany w konsorcjum; lider projektu: Politechnika Łódzka (kierownik projektu: dr hab. inż. G. Leszczyńska)

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Witold Andrałojć

4. Strategia przeciwnowotworowa bazująca na indukowaniu kwadrupleksów. Właściwości strukturalne i biologiczne kompleksów ligand RNA/mRNA; (SONATA)

Kierownik projektu: dr Dorota Gudanis-Sobocińska

5. Dwupłaszczyznowe G-kwadrupleksy stabilizowane jonami Pb²⁺ – nowe narzędzie dla biologii strukturalnej; (MINIATURA)

Kierownik projektu: dr Karolina Zielińska

Zakład Chorób Rzadkich

**Kierownik Zakładu: dr hab. Marzena Wojciechowska,
prof. ICHB PAN (1 STATUT)⁴⁹**

Skład osobowy⁵⁰

Pracownicy naukowcy:

dr Juan Zeng (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Emilia Mroczko-Młotek (stypendium NCN)

mgr Arvind Srinivasan (stypendium ICHB PAN)

Temat statutowy Zakładu

Poszukiwanie nowych biomarkerów i podejść terapeutycznych w chorobach rzadkich człowieka (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Charakterystyka mechanizmów patogenezy oraz poszukiwanie nowych rozwiązań terapeutycznych w dystrofiach mięśniowych typu pierwszego (DM1) i drugiego (DM2) oraz innych chorobach rzadkich człowieka, w których podłożem genetycznym są mutacje sekwencji mikrosatelitarnych.

Opis zrealizowanych prac

Kontynuowano badania zmierzające do wyjaśnienia molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w DM1 oraz opublikowano uzyskane wyniki w postaci trzech artykułów. Przygotowano manuskrypt publikacji opisujący wyniki badań niskocząsteczkowych związków chemicznych o potencjale terapeutycznym w DM2. W ramach projektu pt. „Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2)” potwierdzono eksperymentalnie retencje intronów w tkankach pacjentów z DM1 i DM2 zidentyfikowane uprzednio metodami bioinformatycznymi. Wyniki zaprezentowano na konferencji naukowej oraz opisano w formie manuskryptu, znajdującego się obecnie w recenzji.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Characterization of pathogenic mechanisms and the search for new therapeutic approaches in myotonic dystrophies type 1 (DM1) and type 2 (DM2), and other human rare diseases in which the genetic basis involves microsatellite sequence mutations.

Description of the accomplished works

Research continued to elucidate the molecular causes and consequences of elevated circular RNA expression in DM1, and the results were published in three articles. A manuscript was prepared describing the results of studies on small-molecule compounds with therapeutic potential in DM2. As part of the project, “Non-canonical pre-mRNA splicing is involved in editing the mutated CNBP allele

⁴⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁰ Stan na 31.12.2025 r.

in myotonic dystrophy type 2 (DM2),” intron retention in tissues from DM1 and DM2 patients, previously identified using bioinformatics, was experimentally confirmed. The results were presented at a scientific conference and described in the form of a manuscript, which is currently under review.

Publikacje

1. **A. Srinivasan, E. Mroczko-Mlotek, M. Wojciechowska**
Circular RNA Formation and Degradation Are Not Directed by Universal Pathways
INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 2025, 26, 726
2. **A. Srinivasan, D. Magner, P. Kozłowski, A. Philips, A. Kajdasz, P. Wojciechowski, M. Wojciechowska**
Global dysregulation of circular RNAs in frontal cortex and whole blood from DM1 and DM2
HUMAN GENETICS 2025, 144, 417-432
3. **M. Wojciechowska, P. Kozłowski**
Implications of circular transcripts in DM1 pathomechanism
MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS 2025, 36, 102661
4. **A. Srinivasan, M. Wojciechowska**
Formation of Circular RNAs
ADVANCES IN CIRCULAR RNAs. Advances in Experimental Medicine and Biology
(red. J. Xiao), SPRINGER, Singapore 2025, 1485, 99-115, ISBN: 978-981-96-9428-0

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN
2. Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN
3. Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2); (PRELUDIUM BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN



Kierownik Zakładu: dr Katarzyna Klonowska
(0,9 STATUT/0,1 GRANTY)⁵¹

Skład osobowy⁵²

Pracownicy naukowcy:

dr inż. Izabela Broniarek (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr inż. Marcin Drzewiecki (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Analiza genomowa w celu rozpoznania patogenezы chorób człowieka o podłożu genetycznym (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Analiza mutacji germinalnych i somatycznych w zespołach dziedzicznych związanych z inaktywacją genów supresorowych.

Opis zrealizowanych prac

Badania prowadzone w zakładzie koncentrowały się na analizie mutacji w zespołach dziedzicznych predysponujących do występowania nowotworów związanych z inaktywacją genów supresorowych, w tym w stwardnieniu guzowatym (ang. *Tuberous Sclerosis Complex*, TSC) oraz w zespole Birt-Hogg-Dubé (BHD). Kontynuowano kompleksową charakterystykę somatycznych mutacji *TSC1* w skórze u pacjentów z TSC z zastosowaniem ultraczułej metody *Multiplex High-sensitivity PCR assay* (MHPA). W kolejnym projekcie, kontynuowano analizy genotyp-fenotyp, co doprowadziło do identyfikacji genów/mutacji potencjalnie modyfikujących fenotyp pacjentów z TSC. W ramach odrębnego projektu, opracowano nowy ultraczuły test *FLCN*-MHPA oraz zastosowano go do przygotowania bibliotek do sekwencjonowania próbek pochodzących z guzów skóry oraz płuc pacjentów z BHD, w celu identyfikacji spektrum mutacji somatycznych. Projekty realizowane są w międzynarodowej współpracy, w tym z Dr. David'em Kwiatkowskim z Harvard Medical School w Bostonie, USA, prof. Neil'em Rajan z Newcastle University w Newcastle, UK oraz prof. Kuniaki Seyama z Juntendo University w Tokio w Japonii.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Analysis of germline and somatic mutations in hereditary syndromes associated with tumor suppressor genes inactivation.

Description of the accomplished works

Research performed at the department focused on the analysis of mutations in tumor-predisposing hereditary syndromes associated with inactivation of tumor suppressor genes, including Tuberous Sclerosis Complex (TSC) and Birt-Hogg-Dubé syndrome (BHD). Comprehensive characterization of

⁵¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵² Stan na 31.12.2025 r.

somatic *TSC1* mutations in the skin of TSC patients was continued, using the ultrasensitive Multiplex High-sensitivity PCR assay (MHPA). In another project, genotype-phenotype analyses were continued, leading to the identification of genes/mutations potentially modifying the TSC patients' phenotype. In a separate project, a new ultrasensitive *FLCN*-MHPA assay was developed and used to prepare sequencing libraries from samples from skin and lung tumors of BHD patients to identify the spectrum of somatic mutations. These projects are being carried out in international collaborations, including collaborations with Dr. David Kwiatkowski (Harvard Medical School in Boston, USA), prof. Neil Rajan (Newcastle University in Newcastle, UK) and prof. Kuniaki Seyama (Juntendo University, Tokyo, Japan).

Publikacje

1. **K. Klonowska**, J. Lee, **M. Drzewiecki**, J.M. Grevelink, B. Boeszoermerenyi, **P. Kozłowski**, J. Hanna, A.C. Laga, D.J. Kwiatkowski
TSC angiofibroma and ungual fibroma have different mutation signatures, with recurrent mutations in KMT2C
GENETICS IN MEDICINE 2025, 27, 101538
2. **P. Galka-Marciniak**, M.O. Urbanek-Trzeciak, **D. Kuznicki**, N. Szostak, **A. Tire**, P.M. Nawrocka-Muszynska, **K. Chojnacka**, M. Suszynska, **K. Klonowska**, **K. Czubak**, M. Machowska, **A. Philips**, K. Maksin, L. Susok, M. Sand, J. Rys, J. Jura, M. Ratajska, H. Dams-Kozłowska, J. Kowalewski, M.A. Lewandowska, **P. Kozłowski**
Whole-miRNome sequencing: a panel for the targeted sequencing of all human miRNA genes
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf812

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Katarzyna Klonowska

Zakład Genomiki Roślin



Kierownik Zakładu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN
(0,9 STATUT/0,1 GRANTY)⁵³

Skład osobowy⁵⁴

Pracownicy naukowcy:

dr Maja Szymańska-Lejman (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr hab. inż. Aleksandra Świercz (0,5 STATUT)

⁵³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁴ Stan na 31.12.2025 r.

Doktoranci:

mgr Paulina Poniatowska-Rynkiewicz (stypendium NCN)

mgr inż. Anastasiia Satyr (1 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

Identyfikacja i badanie roli wariantów strukturalnych w modelowych genomach roślinnych (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie podejść badawczych do identyfikacji różnicowej metylacji duplikacji genów u *Arabidopsis thaliana*.

Opis zrealizowanych prac

Zastosowano technikę sekwencjonowania nanoporowego do identyfikacji miejsc metylacji cytozyny w genomowym DNA. Wyniki przeanalizowano dla trzech kontekstów: CG, CHG i CHH przy pomocy programu DeepSignal. Następnie opracowano narzędzie MethylBrowser do oceny ilościowej oraz wizualizacji poziomu metylacji genów i poszczególnych eksonów oraz ich promotorów. Jego przydatność przetestowano dokonując identyfikacji różnicowej metylacji rodziny genów PAI kodujących izomerazę fosforybozyloantranilanową – enzym kluczowy w biosyntezie tryptofanu. Geny z tej rodziny podlegają epigenetycznemu wyciszeniu w ekotypach niosących zduplikowaną kopię genu *PAI1*, co udało się wykazać stosując narzędzie MethylBrowser. Planowane jest udostępnienie przetestowanego rozwiązania w formie samodzielnej aplikacji MethylBrowser.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Development of research approaches for identifying differential methylation of duplicated genes in *Arabidopsis thaliana*.

Description of the accomplished works

Sites of cytosine methylation in genomic DNA have been identified with the nanopore sequencing. The results were evaluated for three contexts: CG, CHG, and CHH using DeepSignal. In order to quantify and visualize methylation levels in genes, individual exons, and their promoters, MethylBrowser tool was developed. Its utility has been tested by identifying differential methylation in the PAI gene family encoding phosphoribosylanthranilate isomerase, a key enzyme in tryptophan biosynthesis. Genes in this family are epigenetically silenced in ecotypes carrying a duplicate copy of the *PAI1* gene, as demonstrated with MethylBrowser. The successfully tested solution is scheduled to be released as a standalone MethylBrowser application.

Publikacje

1. P.J. Seear, H.J.A. Dwoling, **M. Szymanska-Lejman**, W. Dziegielewska, S. DeBilio, F.C.H. Franklin, K.D. Corbett, O.R. Davies, P.A. Ziolkowski, J.D. Higgins
SCEP3 initiates synapsis and implements crossover interference in *Arabidopsis*
NATURE PLANTS 2025, 11, 2531–2547

2. K. Mularski, D. Makalowski, M. Okonek, D. Glebowska, M. Swiercz, **K. Kamel, J. Blazewicz, M. Antczak, A. Swiercz**
ProProtein: A platform for fully automated identification of 3D structure fluctuations in MD simulation trajectories
PLOS ONE 2025, 20, e0329314

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Ocena roli genów BARS1 oraz BARS2, kodującego nową cyklazę oksydoskwalenu, w naturalnym zróżnicowaniu wzrostu i adaptacji *Arabidopsis* do warunków środowiska; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN
2. Rola transpozonów i epigenetycznej regulacji ekspresji genów w procesie wykształcania brodawek korzeniowych u *Medicago truncatula*; (PRELUDIUM BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Agnieszka Żmieńko, prof. ICHB PAN
3. Badanie zachowawczości układu hotspotów crossing-over i regulacja ich aktywności w regionach przycentromerowych; (SONATINA)
Kierownik projektu: dr Maja Szymańska-Lejman
4. Podłoże genetyczne odporności wybranych ekotypów rośliny modelowej *A. thaliana* na fitopatogen *Pectobacterium carotovorum*; (PRELUDIUM)
Kierownik projektu: mgr inż. Anastasiia Satyr

Zakład Niekodujących RNA



Kierownik Zakładu: dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN
(0,1 STATUT/0,9 GRANTY)⁵⁵

Skład osobowy⁵⁶

Pracownicy naukowcy:

dr Ewelina Kałużna (1 GRANTY)

dr Weronika Wendlandt-Stanek (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr Michał Smuszkiewicz (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

Doktoranci:

dr inż. Marta Sztachera (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

mgr inż. Julian Zacharjusz (1 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

Regulacja ekspresji genów na poziomie niekodujących RNA w układzie nerwowym ssaków (K)

⁵⁵ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁶ Stan na 31.12.2025 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Charakterystyka niekodujących RNA (ncRNA) oraz oddziaływań RNA-białko, w szczególności określenie ich roli w funkcjonowaniu komórek układu nerwowego oraz przysadki mózgowej.

Opis zrealizowanych prac

Sfinalizowano badania ukierunkowane na opracowanie, optymalizację i wdrożenie do badań nowego protokołu badawczego *circRNA pull-down*. Procedura polega na zastosowaniu sond oligonukleotydowych z przyłączoną biotyną do wyłapywania endogennych cząsteczek kolistych RNA (circRNA) wraz z oddziałującymi białkami i miRNA wprost z homogenatów tkanki mózgowej. Metodologię homogenizacji mózgu przez biopulweryzację oraz wszystkie kroki służące do wzbogacenia circRNA w kompleksie z białkami i miRNA, wraz z wynikami walidacji dla cząsteczki circRNA Cdr1as opublikowano (*STAR Protocols*). We współpracy z UCL w Londynie zakończono również badania dotyczące badania mutacji w chromosomie X, które zostały powiązane z dystrofią siatkówki i deregulacją ekspresji niekodującego RNA LINC00632 i circRNA CDR1as (*The American Journal of Human Genetics*). Ponadto prowadzono badania dotyczące określenia roli circRNA w regulacji funkcji synaptycznych w neuronach korowych, przeprowadzono analizy przestrzenne i pomiary ilościowe cząsteczek miRNA w sekcjach przysadki mózgowej myszy oraz w wyselekcjonowanych populacjach komórek wydzielniczych przysadki mózgowej. Rozpoczęto również walidację wyników miR-eCLIP uzyskanych z tyreotropowej linii komórkowej TaT1.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Characterization of non-coding RNAs (ncRNAs) and RNA-protein interactions, in particular, determination of their role in the functioning of cells from the nervous system and the pituitary gland.

Description of the accomplished works

We finalized research focused on the development, optimization, and implementation of a new *circRNA pull-down* protocol. The procedure involves using biotin-modified oligonucleotide probes to capture endogenous circular RNAs (circRNAs), along with their interacting proteins and miRNAs directly from brain tissue homogenates. The methodology for brain homogenization by biopulverization along with all steps for enriching circRNAs in complex with proteins and miRNAs, and validation results for the circRNA Cdr1as molecule, were published (*STAR Protocols*). In collaboration with UCL in London, we also completed research on mutations found in X chromosome that are associated with retinal dystrophy and have been linked to the deregulation of non-coding RNA LINC00632 and circRNA CDR1as (*The American Journal of Human Genetics*). In addition, we performed studies on exploring the role of circRNAs in the regulation of synaptic functions in cortical neurons, spatial and quantitative measurements of miRNA molecules in sections of the mouse pituitary gland and selected populations of its secretory cells. A validation project for exploring miR-eCLIP results obtained in the thyrotropic cell line TaT1 has been also initiated.

Publikacje

1. M. Sztachera, W. Wendlandt-Stanek, M. Piwecka

Protocol for mouse brain tissue processing and downstream analysis of circRNA-protein

interactions in vivo

STAR PROTOCOLS 2025, 6, 104036

2. J.C. Gardner, K. Jovanovic, D. Ottaviani, U.S. Melo, J. Jackson, R. Guarascio, K. Ziaka, K-L. Hau, A. Lane, R.L. Taylor, N. Chai, C. Gkertsou, O. Fernando, **M. Piwecka**, M. Georgiou, S. Mundlos, G.C. Black, A.T. Moore, M. Michaelides, M.E. Cheetham, A. Hardcastle
Inter-chromosomal insertions at Xq27.1 associated with retinal dystrophy induce dysregulation of *LINC00632* and *CDR1as/ciRS-7*
AMERICAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS 2025, 112, 523-536
3. **M. Sztachera**, **W. Wendlandt-Stanek**, R.A. Serwa, L. Staszek, **M. Smuszkiewicz**, **D. Wronka**, **M. Piwecka**
Interrogation of RNA-bound proteome with XRNAX illuminates molecular alterations in the mouse brain affected with dysmyelination
CELL REPORTS 2025, 44, 115095
4. O. Wawrzyniak, **D. Wawrzyniak**, **M. Smuszkiewicz**, **P. Głodowicz**, A. Gotz-Wieckowska, **K. Rolle**
Exploring microRNA signatures in pediatric non-infectious uveitis: meta-analysis and molecular profiling of patient samples
JOURNAL OF APPLIED GENETICS 2025, 66, 579-600
5. **A. Olcay**
Circular RNAs as a novel player in synaptic transmission and neuropsychiatric disorders.
NEUROPSYCHOPHARMACOLOGY 2025, 50, 1195-1196

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; (SONATA BIS)
Kierownik projektu: dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN
2. Komórkowo-specyficzna ekspresja niekodujących RNA w przysadce mózgowej i ich rola w regulacji ekspresji genów; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN
3. Badanie nowych funkcji niekonwencjonalnej miozyny działającej w mózgu ssaków; (MINIATURA 7)
Kierownik projektu: dr Weronika Wendlandt-Stanek

Zakład Wirusologii Molekularnej



Kierownik Zakładu: dr inż. Paweł Zmora (0,1 STATUT/0,9 GRANTY))⁵⁷

Skład osobowy⁵⁸

Doktoranci:

mgr inż. Rafał Nowak (1 GRANTY)

⁵⁷ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁵⁸ Stan na 31.12.2025 r.

Oddziaływania pomiędzy patogenem a komórką gospodarza (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Opracowanie nowych strategii przeciwwirusowych, opartych o znajomość oddziaływań pomiędzy wirusem a komórką gospodarza.

Opis zrealizowanych prac

Prowadzono interdyscyplinarne badania mechanizmów molekularnych zakażeń wirusowych, na podstawie których opracowywano przeciwwirusowe strategie terapeutyczne. Przeanalizowano wpływ inhibitora PKR (2-aminopuryny) na replikację i składanie mRNA wirusa grypy A, co pogłębia zrozumienie interakcji wirus–gospodarz oraz wskazuje potencjalne cele terapeutyczne (*Open Life Sciences*). Prowadzono również badania kliniczno-wirusologiczne dotyczące wirusa Mpox (MPXV), opisujące nietypowy przypadek zakażenia linią C.1 kladu IIb z wykorzystaniem sekwencjonowania genomowego i analizy filogenetycznej, co wspiera zastosowanie epidemiologii molekularnej i analizy genomowej patogenów w kontekście zdrowia publicznego (*European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*). W zakładzie prowadzone były także prace nad strukturami RNA typu G-quadrupleksów wirusa grypy typu A oraz ich oddziaływaniem z ligandami TMPyP4 i BRACO-19, wskazujące na potencjalne cele antywirusowe i mechanizmy regulacji replikacji wirusowej (*Plos One*). Podsumowując, prace w zakładzie skoncentrowane były na molekularnych mechanizmach replikacji nowo pojawiających się wirusów, interakcjach wirus-gospodarz i poszukiwaniu nowych podejść diagnostycznych oraz terapeutycznych wobec patogenów wirusowych.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Development of novel antiviral strategies, based on the knowledge of the virus-host cell interactions.

Description of the accomplished works

The Department of Molecular Virology at the IBCH PAS conducted interdisciplinary research on molecular viruses, which is the basis for developing antiviral strategies. Studies have been conducted on the PKR inhibitor (2-aminopurine) on influenza A virus mRNA replication and splicing, which enhances virus-host interaction and therapeutic target frequencies (*Open Life Sciences*). Additionally, clinical-virological studies on the Mpox virus have described various cases of the C.1 clade IIb lineage using genomic accessioning and phylogenetic analysis, supporting the application of molecular epidemiology and genomic analysis of pathogens in the context of public health (*European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*). Furthermore, the Department conducted research on the structure of the influenza A virus G-quadruplex RNA and its interactions with the TMPyP4 and BRACO-19 ligands, determining potential antiviral risks and mechanisms of viral replication regulation (*Plos One*). In summary, the department focuses on the molecular mechanisms of viral replication, virus-host interactions, and the search for new diagnostic approaches and therapeutics against viral pathogens.

1. **D. Lorent, R. Nowak, M. Gazecka, P. Zmora, E. Lenartowicz Onyekaa**
The effect of the PKR inhibitor, 2-aminopurine, on the replication of influenza A virus, and segment 8 mRNA splicing
OPEN LIFE SCIENCES 2025, 20, 20251098
2. **M. Nalewaj, J. Sliwiak, K. Zielinska, P. Zmora, D. Niedzialek, G. Wieczorek, E. Kierzek, M. Szabat**
The interaction of RNA G-quadruplexes from the influenza A virus vRNA with TMPyP4 and BRACO-19 ligands
PLOS ONE 2025, 20, e0335975

Prace przyjęte do druku

P. Zmora, B. Rozplochowski, M. Gazecka, S. Nowak, D. Lorent, A. Kowala-Piaskowska
An atypical case of infection with the Mpox virus clade IIB lineage C.1 – clinical and virological findings
EUROPEAN JOURNAL OF CLINICAL MICROBIOLOGY AND INFECTIOUS DISEASES, DOI:
10.1007/s10096-025-05346-8

Zakład Biologii Medycznej



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska
(0,4 STATUT/0,1 GRANTY)⁵⁹

Skład osobowy⁶⁰

Pracownicy techniczni:

Iwona Gawrońska (0,5 STATUT)

Temat statutowy Zakładu

Wykorzystanie zmodyfikowanych nukleotydów RNA i DNA w diagnostyce medycznej i biotechnologii (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Badanie właściwości przeciwnowotworowych i przeciwwirusowych zmodyfikowanych nukleotydów DNA i RNA. Poszukiwanie nowych zastosowań dla znanych leków, które mają ustalony profil bezpieczeństwa.

⁵⁹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶⁰ Stan na 31.12.2025 r.

Opis zrealizowanych prac

Poszukując nowych modyfikowanych składników kwasów nukleinowych o działaniu przeciwnowotworowym badano inozynę (nukleozyd hipoksantyny) oraz pranobeks inozyny (mieszanina inozyny z kwasem 4-acetamidobenzoesowym i 1-dimetyloamino-2-propanolem w stosunku 1:3). Wykazano, że inozyna stymuluje wzrost poziomu metylacji DNA. Pranobeks inozyny jest mniej efektywny w tym procesie (Fig. 1) (praca wysłana do czasopisma).

Wykorzystano marker epigenetyczny m^5C oraz marker oksydacyjnego uszkodzenia DNA 8-okso-dG, do oceny skuteczności nowych środków terapeutycznych składników *Cannabis sativa* L. CBD, THC i CFE, a także ich mieszaniny z temozolomidem (TMZ) do leczenia glejaka wielopostaciowego (GBM). Wyniki pokazują, że kannabinoidy, stosowane samodzielnie lub łącznie z TMZ, hamują rozwój GBM i mogą być stosowane w terapii tego nowotworu. Zaproponowano mechanizm działania kannabinoidów na komórki GBM, oparty na specyficznych oddziaływaniach kannabinoidów z DNA i metylotransferazą DNA (Fig. 2) (praca wysłana do czasopisma).

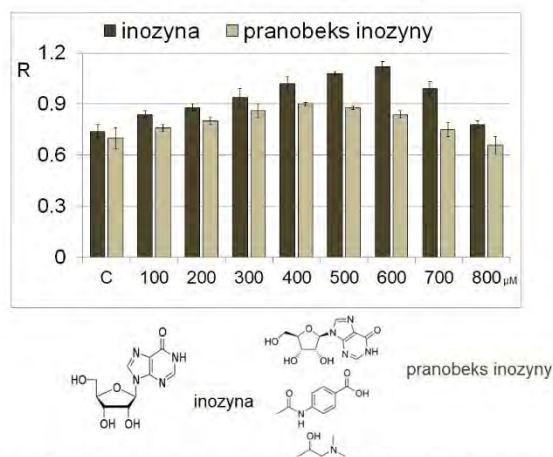


Fig. 1 Wpływ inozyny i pranobeksu inozyny na zawartość m^5C w DNA z komórek glejowych

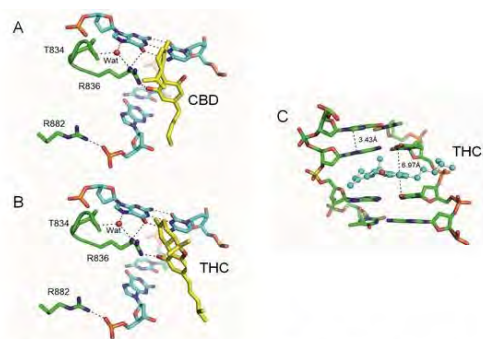


Fig. 2 Mechanizm oddziaływania kannabinoidów CBD i THC z kompleksem DNA-DNMT3. Aminokwasy arginina R836 i treonina T834 oddziałują z guanazylną parą zasad G-C DNA, arginina Arg 882 wiąże się do reszty fosforanowej nukleotydu guanozyny stabilizując kompleks. Oddziaływanie CBD i THC z arginina Arg 836 (linie przerywane) stabilizują kompleks metylazy (A i B). Wiązanie THC do podwójnej helisy DNA (C) jest podobne do interkalacji peptydu akrydynowego (PDB 1G3X). Interkalacja THC do podwójnej helisy zwiększa odległość między parami zasad do ok. 6.97 Å z normalnej odległości 3.43 Å (Zang i in. 2018; Hosseini i in. 2025).

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Study of the anticancer and antiviral properties of modified nucleotides. Searching for new uses of drugs that already have an established safety profile.

Description of the accomplished works

In search for new modified nucleic acid components with anticancer activity, inosine (nucleoside containing hypoxanthine) and inosine pranobex (at ratio 1:3 mixture of inosine with 4-acetamidobenzoic acid and 1-dimethylamino-2-propanol, respectively) were studied. Inosine was shown to stimulate increased methylation levels. Pranobex was less effective in this process (manuscript submitted for publication).

Epigenetic marker m^5C and marker of oxidative DNA damage 8-oxo-dG were used to evaluate the efficacy of new therapeutic agents, the *Cannabis sativa* L. components CBD, THC, and CFE, as well as their mixture with temozolomide (TMZ) in the treatment of glioblastoma multiforme (GBM). The results show that cannabinoids, alone or in combination with TMZ, inhibit the development of GBM and may be used in the clinical treatment of this tumor. A mechanism of action of cannabinoids on

glioblastoma multiforme cells has been proposed. It is based on the specific interactions of cannabinoids with DNA and DNA methyltransferase (manuscript submitted for publication).

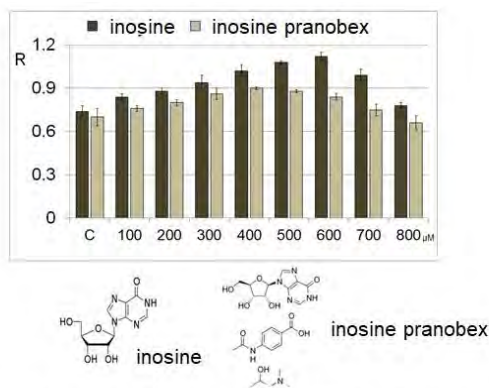


Fig. 1 Effect of inosine and inosine pranobex on the m⁵C content in DNA from glial cells

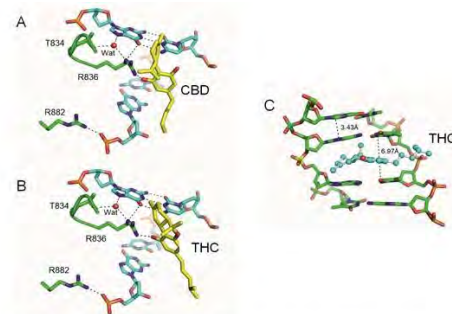


Fig. 2 Model of interaction of CBD and THC with the DNA-DNMT3 complex. Residues R836 and T834 are involved in interaction with guanosine of the G-C base pair of DNA, but Arg 882 interacts with phosphate of guanosine nucleotide and stabilizes the complex. Interactions of CBD and THC with critical Arg 836 (dotted lines) stabilize the methylation complex (A, B). Intercalation of THC into the DNA double helix (C) is similar to that of an acridine-peptide (PDB 1G3X). Intercalation of THC into the double helix increases the distance between base pairs to ca 6.97 Å from a normal distance of 3.43 Å (Zang et al. 2016; Hosseini et al. 2025).

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; (OPUS)

Kierownik projektu: prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska

Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych



Kierownik Zakładu: prof. dr hab. Ryszard Kierzek
(0,1 STATUT/0,4 GRANTY)⁶¹

Skład osobowy⁶²

Pracownicy naukowcy:

dr Dagmara Baraniak (1 STATUT)

dr Agnieszka Ruszkowska (1 STATUT)

dr Marta Rachwałak (1 GRANTY)

dr Sylwia Górczyńska (1 GRANTY)

Doktoranci:

mgr Jimenéz A. Guirao (stypendium NCN)

Temat statutowy Zakładu

Termodynamika modyfikowanych kwasów nukleinowych (K)

⁶¹ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

⁶² Stan na 31.12.2025 r.

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Poznanie struktury wybranych RNA i wykorzystanie uzyskanych informacji do zaprojektowania i przeprowadzenia badań biologicznych i funkcjonalnych w celu inhibicji patogennych cech analizowanych RNA.

Opis zrealizowanych prac

W ramach badań statutowych podjęto działania mające doprowadzić do syntezy glikoRNA (ang. *glycoRNA*). Jest to odkryty w 2021 roku nowy rodzaj RNA. Dotychczas wykazano, że 3-(3-amino-3-karboksypropylo)-urydyna (acp³U) ulega glikozylacji N-acetyloglukozaminą (GalNAc), co prowadzi do enzymatycznego przyłączania szeregu reszt cukrowych i tym samym zwiększenia przenikania takich glikoRNA przez błony komórkowe. Celem prowadzonych badań jest chemiczna synteza amidofosforynu acp³U zawierającego GalNAc. Taki gliko-modyfikowany acp³U amidofosforyn będzie użyty do syntezy wybranych glikoRNA w celu badań termodynamicznych i strukturalnych oraz do przygotowania modelowych RNA, w których wykazano obecność takich modyfikacji. Obecnie przygotowany jest amidofosforyn GalNAc-acp³U.

W ramach badań związanych z projektem grantowym (NCN, Opus 23) dokończono badania termodynamiczne dotyczące wpływu pseudourydyny oraz N1-metylopseudourydyny na strukturę drugorzędową RNA – przygotowywane są dwie publikacje dotyczące tego tematu. Rozpoczęto także badania strukturalne fragmentu rybosomalnych RNA (rejon PTC) w celu określenia wpływu obecności wielu cząsteczek pseudourydyn na strukturę drugorzędową tego RNA.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Understanding the structure of selected RNAs and using the structural information to design and conduct biological and functional studies of the studied RNAs to design and conduct research aimed at inhibiting the pathogenic properties of these RNAs.

Description of the accomplished works

As part of statutory research, efforts have been undertaken to synthesize glycoRNA. This is a new type of RNA discovered in 2021. So far, it has been shown that 3-(3-amino-3-carboxypropyl) uridine (acp³U) undergoes glycosylation with N-acetylglucosamine (GalNAc), leading to the enzymatic attachment of multiple sugar residues, allowing these glycoRNAs to easily penetrate cell membranes. The aim of this research is the chemical synthesis of acp³U phosphoramidite containing GalNAc. This glyco-modified phosphoramidite will be used to synthesize selected oligonucleotides for thermodynamic and structural studies of glycoRNA and to prepare model RNAs in which the presence of glycoRNA has been demonstrated. We are currently in the final stages of preparing the GalNAc-acp³U phosphoramidite. As part of a grant project (NCN, Opus 23), thermodynamic studies on the effects of pseudouridine and N1-methylpseudouridine on RNA secondary structure have been completed. Two publications on this topic are currently being prepared. We have also begun structural studies of a ribosomal RNA fragment (PTC region) to determine the effect of multiple pseudouridine residues on its secondary structure.

Publikacje

1. I. Yildirim, **W. Andralojc**, A. Taghavi, **D. Baranowski**, **Z. Gdaniec**, **R. Kierzek**, **E. Kierzek**
Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers

of adenosine and LNA-adenosine

NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkae1222

2. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine: influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes
RNA 2025, 31, 86–99
3. M. Angelo, Y. Bhargava, **E. Kierzek, R. Kierzek**, R.L. Hayes, W. Zhang, J.Z. Vilseck, S.T. Aoki
Accurate in silico predictions of modified RNA interactions to a prototypical RNA-binding protein with λ -dynamics
RNA 2025, 31, 1460-1471
4. **I. Ulanowska, R. Kierzek, E. Kierzek, M. Soszynska-Jozwiak**
Structural architecture of the human long non-coding RNA-PAAN as a potential target for anti-influenza drug development
JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY 2025, 301, 110755
5. K. Breger, I.P. Schowe, N.A. Springer, N.J. O'Leary, **A. Ruszkowska**, C. Rosende, J.A. Brown
Mutational Analysis Reveals Functional Roles of METTL16 Domains and Residues
BIOLOGY 2025, 14, 1145
6. K. Liu, R.K. Sriram, **M. Rachwalak**, W. Yang, A.M. Kietrys
Targeting RNA 2'-hydroxyl groups by bifunctional acylation for functional control and modification
CELL REPORTS PHYSICAL SCIENCE 2025, 6, 102928

Prace przyjęte do druku:

Y. Pan, **E. Kierzek, R. Kierzek**, D.H. Mathews, Y.T. Yu

A Ψ - Ψ codon-anticodon pairing in nonsense suppression and translational recoding

NATURE CHEMICAL BIOLOGY, DOI: 10.1038/s41589-025-02025-9

Projekty realizowane w Zakładzie w 2025 r.

1. Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (*in vivo* – *like*). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach ssaczych; (OPUS)

Kierownik projektu: *prof. dr hab. Ryszard Kierzek*

2. Termodynamika modyfikowanych RNA. Wpływ modyfikacji RNA na strukturę i funkcje naturalnych RNA oraz transkrybowanych *in vitro* szczepionkowych mRNA (IVT mRNA); (OPUS)

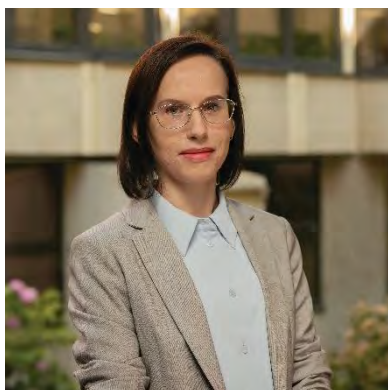
Kierownik projektu: *prof. dr hab. Ryszard Kierzek*

3. Chemiczna architektura fluorowanych analogów dimerów nukleozydów zawierających łącznik 1, 2, 3-triazolowych o potencjalnym zastosowaniu w biologii molekularnej i medycynie; (SONATA)

Kierownik projektu: *dr Dagmara Baraniak*

4. Azydofosforany jako chemiczny marker w biokoniugacji kwasów nukleinowych; (MINIATURA 7)

Kierownik projektu: *dr Marta Rachwalak*



Kierownik Zespołu: dr Ewa Woźniak-Gientka (1 STATUT)⁶³

Osoby afiliowane przy zespole:

prof. dr hab. Tomasz Twardowski

Temat statutowy Zespołu

Biogospodarka i biotechnologia – aspekty ekonomiczne, społeczne i prawne (K)

Opis prowadzonej działalności naukowej finansowanej z subwencji i projektów

Cel badań

Określenie stanu biogospodarki i biotechnologii w Polsce, ze szczególnym uwzględnieniem poziomu regionalnego: województwa wielkopolskiego. Przygotowanie broszury informacyjno-edukacyjnej (w ramach projektu Miniatura).

Opis zrealizowanych prac

1. Wykonano analizę SWOT - biogospodarka w Wielkopolsce.
2. Wykonanie broszury informacyjno-edukacyjnej.
3. Publikacja artykułu w czasopiśmie BioTechnologia.
4. W celu określenia stanu biogospodarki w województwie wielkopolskim, poddano analizie wskaźniki środowiskowe związane z biogospodarką.

The description of research activity funded by the statutory subsidy and grants

Research goal

Determination of the state of bioeconomy and biotechnology in Poland, with particular emphasis on the regional level: the Wielkopolska Voivodeship. Preparation of an information and educational brochure (as part of the Miniatura project).

Description of the accomplished works

1. A SWOT analysis was carried out – the bioeconomy in Wielkopolska.
2. Preparation of an informational and educational brochure.
3. Publication of an article in the journal BioTechnologia.
4. To determine the state of the bioeconomy in the Wielkopolska Voivodeship, environmental indicators related to the bioeconomy were analysed.

⁶³ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Publikacje

1. **E. Wozniak-Gientka**

Integration of bioeconomy within regional policy frameworks: a case study of the Wielkopolska Voivodeship

BIOTECHNOLOGIA 2025, 106, 195-208

2. **T. Twardowski**

Legal and social aspects of biotechnology: Toward a circular bioeconomy

CURRENT OPINION IN GREEN AND SUSTAINABLE CHEMISTRY 2025, 55, 101041

3. **T. Twardowski**

Expectations and limitations of biotechnology in the perspective of 2050. Editorial.

BIOTECHNOLOGIA 2025, 106, 3-4

Projekty realizowane w Zespole w 2025 r.

Uwarunkowania rozwoju biogospodarki z perspektywy regionalnej; (MINIATURA 7)

Kierownik projektu: dr Ewa Woźniak-Gientka

Centrum Biologii Chemicznej ERIC

Pracownia Testów i Obrazowania Molekularnego

Kierownik: dr Dorota Kwiatek-Rożek (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)⁶⁴

Pracownicy naukowcy:

dr hab. Jacek Ł. Kolanowski (0,1 GRANTY)

dr Volodymyr Cherkas (0,2 STATUT/0,8 GRANTY)

dr Aleksandra Bartkowiak (1 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

dr Kinga Ciechanowska (1 GRANTY)

dr Yevhenii Sheremet (1 GRANTY)

dr Krzysztof Żukowski (1 GRANTY)

mgr Mykyta Bobylyov (1 GRANTY)

dr Francesca Canyelles i Font (0,5 STATUT/0,5 GRANTY)

mgr Oleksandra Fedchenko (1 GRANTY)

mgr Natalia Karczewska (1 GRANTY)

mgr Borys Olifirov (1 GRANTY)

mgr Monika Pyc (1 GRANTY)

mgr Adrian Rüfli (1 GRANTY)

Temat statutowy Pracowni

Opracowywanie i rozwój narzędzi i testów molekularnych (M)

⁶⁴ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

Cel badań

Opracowanie i optymalizacja wysokoprzepustowych testów oraz superrozdzielczych metod obrazowania do identyfikacji, charakterystyki związków biologicznie aktywnych i nanomateriałów

Opis zrealizowanych prac

Wyznaczono wartości IC50 oraz wyselekcjonowano aktywne związki w wybranych modelach komórkowych wykorzystując technikę *cell painting* lub obrazowanie wysokoprzepustowym mikroskopem konfokalnym. Przeprowadzono skrining biblioteki PILOT (5000 zw.) w modelu A549-hACE2-TMPRSS2, obejmujący analizy IC50 i ocenę inhibicji ACE2/TMPRSS2. W bioprofilingu biblioteki EACL wykryto związki generujące ROS. Zoptymalizowano i zminiaturyzowano testy (m.in. CYTO-ID®) wdrażając automatyzację i obrazowanie przyżyciowe. Opracowano modele ko-kultury 2D do oceny neurotoksyczności nanomateriałów oraz podejście łączące nanoindentację z mikroskopią superrozdzielczą. Zwalirowano protokoły immobilizacji pojedynczych fluoroforów oraz analizy statystyki ich „migotania” z wykorzystaniem mikroskopii MINFLUX. Zweryfikowano protokoły znakowania sond i kitów fluorescencyjnych (MitoClue, SNAP-TAG, HALO-TAG, SOLpH1-Tos, Multiorganelle Staining Kit-opublikowano) pod kątem ich zastosowania w obrazowaniu superrozdzielczym lub wysokoprzepustowym.

Research goal

Development and optimization of high-throughput assays and super-resolution imaging methods for the identification and characterization of biologically active compounds and nanomaterials

Description of the accomplished works

IC50 values were determined and active compounds were selected in several cell models using cell painting technique and high-throughput confocal microscopy imaging. A screening of the PILOT library (5000 compounds) was performed in the A549-hACE2-TMPRSS2 model, including IC50 analyses and assessment of ACE2/TMPRSS2 inhibition. Bioprofiling of the EACL library identified compounds generating ROS. Assays (including CYTO-ID®) were optimized and miniaturized, implementing automation and live-cell imaging. 2D co-culture models were developed for assessing nanomaterial neurotoxicity, along with an approach combining nanoindentation with super-resolution microscopy. Protocols for immobilizing single fluorophores and analysing their blinking statistics using MINFLUX microscopy were validated. Protocols for labelling probes and fluorescent kits (MitoClue, SNAP-TAG, HALO-TAG, SOLpH1-Tos, Multiorganelle Staining Kit – published) were verified for their application in super-resolution or high-throughput imaging.

Publikacje

1. E. Molokanova, T. Zhou, P. Vasupal, **V. Cherkas**, P. Narute, M.S.A. Ferraz, M. Reiss, A. Almenar-Queralt, G. Chaladaipoulou, J.S. de Souza, H. Hemati, F. Downey, O.O. Olajide, C.T. Perez, F. Puppo, P. Mesci, S.L. Pfaff, D. Kireev, A.R. Muorti, A. Savchenko
Non-genetic neuromodulation with graphene optoelectronic actuators for disease models, stem cell maturation, and biohybrid robotics
NATURE COMMUNICATIONS 2025, 16, 7499
2. Y.S.L. Choo, **J.L. Kolanowski**, J.V. Milic, F.M. Fung
The Retrosynthesis Mindset: A Problem-Solving Tool
SYNLETT 2025, 36, 714-718

3. **B. Olifirov, O. Fedchenko**, A. Dovgan, D. Babets, V. Krotov, **V. Cherkas**, P. Belan
Local Iontophoretic Application for Pharmacological Induction of Long-Term Synaptic Depression
BIO-PROTOCOL 2025, 15, e5338

Projekty realizowane w Pracowni w 2025 r.

1. POL-OPENSREEN 2.0 – Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSREEN ERIC - realizowany w ramach programu Wsparcie udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej – projekt realizowany w konsorcjum „POL-OPENSREEN 2.0”; lider projektu: Instytut Biologii Medycznej PAN, Łódź (kierownik projektu: prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr Dorota Kwiatek-Rożek
2. Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; (OPUS)
Kierownik projektu: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
3. Integrated Services for Infectious Disease Outbreak Research – ISIDORE; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: European Research Infrastructure on Highly Pathogenic Agents, Francja
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
4. Integrated SERVICES supporting a sustainable AGROecological transition – AgroServ; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Centre National de la Recherche Scientifique CNRS, Francja (kierownik projektu: dr. Michel Boer)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
5. Integrated assessment and Advanced Characterisation of Neuro-Nanotoxicity – iCARE; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: Laboratório Iberoamericano de Nanotecnologia LIN, Portugalia (kierownik projektu: dr. Ernesto Alfaro)
Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
6. IMProving User experience, Long-term sustainability and Services of EU-OPENSREEN; (HORIZON EUROPE) – projekt realizowany w konsorcjum międzynarodowym; lider projektu: EUROPEAN INFRASTRUCTURE OF OPEN SCREENING PLATFORMS FOR CHEMICAL BIOLOGY EUROPEAN RESEARCH INFRASTRUCTURE CONSORTIUM (EU-OPENSREEN ERIC) (EU-OS), Niemcy
Kierownik projektu: dr hab. Jacek Ł. Kolanowski
7. Nanoscale Hippocampal Signaling in Long-Term Depression in Norm and Primary Dystonia; (LTP UKRAINE)
Kierownik projektu: dr Volodymyr Cherkas
8. Wizualizacja w nanoskali interakcji kompleksu adaptera AP2 z Hippocampal podczas LTD-indukowanej endocytozy receptora AMPA za pośrednictwem Clatrin przy użyciu mikroskopii super-rozdzielczej MINIFLUX; (MINIATURA 7)
Kierownik projektu: dr Volodymyr Cherkas

Pracownia Chemii Medycznej

Kierownik: dr Dorota Jakubczyk (0,05 STATUT/0,95 GRANTY)

Pracownicy naukowci:

dr hab. Tomasz Ostrowski, prof. ICHB PAN (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Leszek Błaszczak (1 GRANTY)

dr Przemysław Piechota (1 GRANTY)

dr Monika Józwiak (1 GRANTY)

Pracownicy badawczo-techniczni:

dr Grzegorz Framski (0,9 GRANTY)

Pracownicy techniczni:

mgr inż. Piotr Michałowski (0,2 GRANTY)

Temat statutowy Pracowni

Projektowanie oraz otrzymywanie związków chemicznych o potencjalnych właściwościach biologicznych (K)

Cel badań

Projektowanie oraz otrzymywanie związków chemicznych o potencjalnych właściwościach biologicznych

Opis zrealizowanych prac

Przeprowadzono analizę ekstraktów z grzyba *Ramularia collo-cygni* w celu opracowania technologii tzw. programowania chemicznego mikroorganizmów. Wykonano syntezę sulfonamidu glutationu do badań nitroksylu jako alternatywnego ogniwa metabolicznego u roślin na przykładzie *Arabidopsis thaliana*. Przeprowadzono analizę chemioinformatyczną wyników pochodzących z barwienia komórek dla wybranych pochodnych kofeiny. Wykonano analizę spektrometryczną stabilności membran polimerowych do rozwoju technologii tzw. mikroekstrakcji metabolitów wtórnych. Scharakteryzowano chemicznie i biologicznie fluorescencyjną sondę molekularną na bazie kumaryny. Zoptymalizowano syntezę i wpływ warunków chemicznych na leki przeciwtarczycowe w modelowych układach jodoorganicznych. Przeprowadzono syntezę N7-regioizomeru guanozyny do badań wpływu właściwości termodynamicznych i struktury dupleksów RNA. Rozpoczęto mapowanie struktury mRNA p53 *in vitro* oraz *in vivo* w warunkach normalnych oraz stresowych. Określono strukturę kompleksu RNA zawierającego sekwencję UGGAA oraz strukturę RNA-ligand NCD.

Research goal

Designing and obtaining chemical compounds with potential biological properties

Description of the accomplished works

Extracts from the fungus *Ramularia collo-cygni* were analysed to develop a technology for chemical programming of microorganisms. Glutathione sulfonamide was synthesized for studies of nitroxyl as an alternative metabolic link in plants, using *Arabidopsis thaliana* as an example. Chemioinformatic analysis of the results from cell painting for selected caffeine derivatives was conducted. Spectrometric analysis of the stability of polymer membranes was performed to develop a technology for micro-extraction of secondary metabolites. A fluorescent coumarin-based molecular probe was chemically and

biologically characterised. The synthesis and the effect of chemical conditions on antithyroid drugs in model organoiodine systems were optimised. The N7-regioisomer of guanosine was synthesized to study the effect of thermodynamic properties and the structure of RNA duplexes. *In vitro* and *in vivo* mapping of the p53 mRNA structure under normal and stress conditions has been initiated. The structure of the RNA complex containing the UGGAA sequence and the RNA-ligand NCD structure have been determined.

Publikacje

1. **M. Mateja-Pluta, L. Błaszczyk, M. Bejger, K. Nakatani, A. Kiliszek**
Naphthyridine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and exhibits a molecular glue characteristics in crystal lattice formation
NUCLEIC ACIDS RESEARCH 2025, 53, gkaf924
2. **A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski, A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek**
The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine: influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes
RNA 2025, 31, 86–99
3. **P. Michalowski, D. Jakubczyk, K. Bielicka-Daszkiewicz**
Optimisation of Synthesis and Effects of Chemical Conditions on Antithyroid Drugs in Model Organoiodine Systems
LETTERS IN ORGANIC CHEMISTRY 2025, 22, 753-763

Projekty realizowane w Pracowni w 2025 r.

1. POL-OPENSREEN – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej; (FENG) – projekt realizowany w konsorcjum; lider IBM PAN
Kierownik zadania z ramienia ICHB PAN: dr Dorota Jakubczyk
2. Kompleksowa analiza strukturalna i funkcjonalna mRNA p53 w celu identyfikacji drugo- i trzeciorzędowych struktur RNA istotnych w fizjologii, procesie nowotworzenia i rozwoju terapii chorób człowieka; (OPUS)
Kierownik projektu: dr Leszek Błaszczyk

Dział Wsparcia Badań

Kierownik Działu: mgr Katarzyna Chojnacka (1 STATUT)⁶⁵

dr Magdalena Alejska (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)

dr Monika Przybył (1 STATUT)

dr Michał Gładysz (0,1 STATUT/0,9 GRANTY)

dr Grzegorz Framski (0,1 STATUT)

⁶⁵ W nawiasach podano źródło finansowania pracowników.

dr Zofia Jahnz-Wechmann (0,9 STATUT)
mgr Katarzyna Solka (1 STATUT)
mgr Paula Sobieszczańska (0,75 STATUT/0,25 GRANTY)
mgr Alina Kasperska (0,8 STATUT)
mgr Anna Teubert (0,5 STATUT)

Opis prowadzonej działalności

Cel

Wsparcie organizacyjne kierowników jednostek wewnętrznych ICHB PAN oraz wsparcie naukowców-cudzoziemców, w ramach działalności *Welcome Point*.

Opis zrealizowanych prac

W roku 2025 pracownicy Działu Wsparcia Badań wspierali łącznie 42 zakłady, pracownie i zespoły przy realizacji 110 projektów badawczo-rozwojowych i mobilnościowych oraz 35 tematów statutowych. Głównym osiągnięciem Działu było pozyskanie finansowania projektu NAWA, w programie PROM – Krótkookresowa Wymiana Akademicka (projekt 1). Pracownicy Działu zaangażowani byli w organizację wydarzeń naukowych – Kongres BIO2025 oraz popularyzujących naukę: Festiwal Nauki i Sztuki, Noc Naukowców, Drzwi Otwarte. Działalność statutowa prezentowana była podczas spotkania BESTPRAC Thematic group meeting Bridging the Gap: Project Managers and Research Support Teams in Action (prezentacja ustna: “Supporting Researchers and Projects: A valuable and unique model in Poland”, Barcelona, Hiszpania). Ponadto pracownicy Działu zrealizowali 98 działań wspierających naukowców-cudzoziemców, zgodnych ze standardami Euraxess. Głównymi osiągnięciami Działu w tym zakresie były: pozyskanie finansowania projektu konsorcyjnego „NAWA EURAXESS Wielkopolska One region, wide horizons” (projekt 2) oraz środków na spotkanie informacyjno-integracyjne finansowanego z programu Horizon Europe ERA TALENT, jak również nawiązanie współpracy z Wielkopolskim Urzędem Wojewódzkim w Poznaniu w zakresie wsparcia procedur uzyskiwania karty pobytów przez naukowców-cudzoziemców w ICHB PAN.

The description of activity

Goal

Organizational support for heads of internal units at IBCH PAS and Supporting international researchers as part of *Welcome Point* activities

Description of the accomplished works

In 2025, the Research Support Unit staff supported in total 42 departments, laboratories and groups, upon implementation of 110 research-development and mobility projects, as well as 35 statutory topics. The Unit's main achievement was securing project funding from NAWA under the PROM program – Short-Term Academic Exchange (project 1). Unit staff were involved in organizing scientific events, including the BIO2025 Congress, as well as science popularization events: the Science and Art Festival, Researchers' Night, and Open Doors. Statutory activities were presented during the BESTPRAC Thematic group meeting, Bridging the Gap: Project Managers and Research Support Teams in Action (oral presentation: “Supporting Researchers and Projects: A valuable and unique model in Poland”, Barcelona, Spain). Moreover, the RSU employees implemented 98 activities supporting international, consistent with Euraxess standards. The Department's main achievements in this area included: obtaining funding for the NAWA-funded consortium project “Wielkopolska One region, wide

horizons” (project 2) and the funds for an information and integration meeting under the Horizon Europe ERA TALENT program, as well as establishing cooperation with the Wielkopolska Voivodeship Office in Poznań to support procedures for obtaining residence cards for international scientists at IBCH PAS.

Projekty realizowane w Dziale w 2025 r.

1. PROM – Krótkookresowa wymiana akademicka; (NAWA-PROM)

Kierownik projektu: mgr Katarzyna Chojnacka

2. One Region, Wide Horizons – Euraxess Wielkopolska (NAWA-EURAXESS) – projekt realizowany w konsorcjum krajowym; lider projektu: Uniwersytet Ekonomiczny w Poznaniu

Kierownik zadań z ramienia ICHB PAN: mgr Katarzyna Chojnacka

Projekty realizowane w Instytucie w 2025 roku

Lp.	Tytuł projektu, nr umowy	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
I. PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM NAUKI				
OPUS				
1.	Niskocząsteczkowe narzędzia do badania lokalnego mikrośrodowiska białek; 2018/29/B/ST4/01498	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2019–2025	1 396 100
2.	Parametry termodynamiczne i reguły fałdowania się RNA w warunkach komórkowych (<i>in vivo-like</i>). Przewidywania fałdowania się RNA dla lepszego poznania ich struktury i funkcji w komórkach ssaczyc; 2019/33/B/ST4/01422	prof. dr hab. R. Kierzek	2020–2025	1 812 200
3.	Wyjaśnienie molekularnych przyczyn i skutków podwyższonego poziomu ekspresji kolistych RNA w dystrofii mięśniowej typu pierwszego (DM1); 2019/33/B/NZ5/02473	dr hab. M. Wojciechowska	2020–2025	1 089 500
4.	Określenie roli końców 5' i 3' mRNA LINE-1 w biologii tego retrotranspozonu; 2019/33/B/NZ1/02260	dr hab. Z. Warkocki	2020–2025	2 036 480
5.	Kompleksowa analiza transkryptomu <i>Schmidtea mediterranea</i> – identyfikacja niekodujących RNA zaangażowanych w rozwój linii komórkowych podczas regeneracji; 2019/35/B/NZ2/02658	dr hab. P. Jackowiak	2020–2026	2 071 200
6.	Międzygatunkowa inżynieria szlaków metabolicznych jako narzędzie w badaniu funkcji metabolitów wtórnych w systemie immunologicznym roślin; 2019/35/B/NZ1/03731	prof. dr hab. P. Bednarek	2020–2025	2 229 840
7.	Badanie zależności pomiędzy sekwencją DNA a strukturą jako punkt wyjścia do projektowania G-kwadrupleksów o określonej topologii – zintegrowane podejście łączące symulacje molekularne i metody eksperymentalne; 2019/35/B/ST4/03559 Zadania ICHB PAN: 1. Walidacja przewidzianych numerycznie stabilności dwutetradowych struktur typu G4 przy pomocy szeregu technik doświadczalnych; 2. Walidacja wartości predykcyjnej modelu poprzez zaprojektowanie trójtetradowych G-kwadrupleksów o wymaganych właściwościach strukturalnych; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska)	prof. dr hab. Z. Gdaniec (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. inż. J. Czub (kierownik projektu, Politechnika Gdańska)	2020–2026	1 788 600 1 246 200 ⁶⁶

⁶⁶ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

8.	Komórkowo-specyficzna ekspresja niekodujących RNA w przysadce mózgowej i ich rola w regulacji ekspresji genów; 2020/37/B/NZ3/03633	dr hab. M. Piwecka	2021–2027	2 520 300
9.	Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu; 2020/37/B/NZ5/03249	prof. dr hab. M. Naskręt-Barciszewska	2021–2025	973 200
10.	Oligonukleotydy tworzące trypleksy jako nowe narzędzia do rozplatania struktury G-kwadrupleksu oraz selektywnej inhibicji transkrypcji onkogenu c-Myc; 2020/37/B/NZ7/02008	prof. dr hab. A. Pasternak	2021–2027	1 843 200
11.	Nowe L-asparaginazy jako potencjalne środki terapeutyczne i cele molekularne dla zwalczania infekcji: badania strukturalne i funkcjonalne enzymów o podwójnym znaczeniu dla projektowania leków; 2020/37/B/NZ1/03250	prof. dr hab. M. Jaskólski	2021–2026	2 347 200
12.	Oligonukleotydy wiążące lantanowce (OWL) jako znaczniki paramagnetyczne w spektroskopii NMR kwasów nukleinowych; 2020/37/B/ST4/03182	dr W. Andrałojć	2021–2026	1 240 800
13.	Transportery ABCG w dystrybucji fenylopropanoidów u <i>Medicago truncatula</i> uniwersalność vs. specjalizacja; 2020/39/B/NZ9/00784	prof. dr hab. M. Jasiński	2021–2026	1 677 000
14.	Molekularne podstawy modyfikacji i aktywacji glukozynolanów w odporności roślin Brassicaceae na infekcję; 2020/39/B/NZ2/03426	prof. dr hab. P. Bednarek	2021–2026	2 089 528
15.	Udział struktury RNA wirusa grypy typu A w regulację jego replikacji. Wysokoprzepustowa analiza ligandów niskocząsteczkowych nakierowana na inhibicję replikacji wirusa grypy; 2020/39/B/NZ1/03054	prof. dr hab. E. Kierzek	2021–2026	2 452 810
16.	Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej oraz identyfikacja wpływu czynników komórkowych na strukturę RNA w <i>S. cerevisiae</i> ; 2020/39/B/NZ3/03020	dr hab. K. Pachulska-Wieczorek	2021–2026	1 945 290
17.	Identyfikacja mutacji aktywujących raka w niekodujących częściach genów kodujących białka i w genach długich niekodujących RNA; 2020/39/B/NZ5/01970	prof. dr hab. P. Kozłowski	2021–2027	2 755 600
18.	Wysokoprzepustowe testy przesiewowe w celu wyselekcjonowania niskocząsteczkowych związków chemicznych osłabiających patogenezę dystrofii miotonicznej typu drugiego (DM2); 2020/39/B/NZ3/01811	dr hab. M. Wojciechowska	2021–2026	1 905 400
19.	Enzymy szlaku biosyntezy L-metioniny jako nowe cele molekularne dla chemoterapii przeciwwgrzybowej; 2020/39/B/NZ7/01519 Zadania ICHB PAN: 1. Analiza strukturalna oczyszczonych białek; 2. Modelowanie molekularne i badania strukturalne oddziaływań białek z ligandami; ⁶⁷ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Gdańska).	prof. dr hab. W. Rypniewski (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. I. Gabriel (kierownik projektu – Politechnika Gdańska)	2021–2026	1 677 700 133 200 ⁶⁸

⁶⁷ Zadanie 1. i 2. realizowane wspólnie z Politechniką Gdańską.

⁶⁸ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

20.	Dlaczego komórki stają się mniejsze, aby przeżyć? Analiza komórek tytoniu BY2 zaadaptowanych do warunków stresu osmotycznego i solnego w poszukiwaniu kluczowych czynników regulujących gospodarkę energią, molekularną homeostazę i wielkość komórek; 2020/39/B/NZ9/03336	dr Ł. Marczak (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr A. Szuba (kierownik projektu – ID PAN)	2021–2027	2 620 051 345 797 ⁷⁰
	Zadania ICHB PAN: 1. Analiza transkryptomu komórek BY2; 2. Otrzymanie i analiza widm masowych MS/MS; 3. Analizy statystyczne i bioinformatyczne, integracja danych; ⁶⁹ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Instytut Dendrologii PAN w Kórniku)			
21.	Mikrobiom powietrza – charakterystyka mikroorganizmów bytujących w pyłe zawieszonym w powietrzu obszaru miejskiego i ich wpływ na zdrowie człowieka; 2021/41/B/NZ9/03765	dr hab. A. Philips	2021–2026	3 048 170 1 873 310 ⁷²
	Zadania ICHB PAN: 1. Izolacja DNA z filtrów powietrza, przygotowanie bibliotek i sekwencjonowanie WGS; 2. Analiza składu populacji bakteryjnej w metagenomie PM1 i PM2.5 (dane z sekwencjonowania WGS, analiza metagenomiczna); 3. Identyfikacja i analiza bakterii patogennych, czynników wirulencji i czynników związanych z antybiotykoopornością bakterii; 4. Analiza korelacji składu mikrobiomu powietrza z parametrami fizyko-chemicznymi PM1 i PM2.5; 5. Podsumowanie i interpretacja wyników badań; ⁷¹ – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)			
22.	Antywirusowe strategie nakierowane na RNA: Peptydowe kwasy nukleinowe (PNA) tworzące trypleksy oraz ich koniugaty z niskocząsteczkowymi ligandami specyficzne do konserwatywnych motywów strukturalnych RNA wirusa grypy typu A oraz SARS-CoV-2; 2021/41/B/NZ1/03819	prof. dr hab. E. Kierzek	2022–2027	2 331 650
23.	Aptamer wiążący trombinę o zwiększonej różnorodności chemicznej jako potencjalny lek przeciwzakrzepowy i chemioterapeutyk; 2021/41/B/NZ7/03910	dr W. Kotkowiak	2022–2026	1 397 500
24.	Badanie nowej strategii terapeutycznej zmierzającej do obniżenia zmutowanego białka w SCA3/MJD; 2021/41/B/NZ2/03881	prof. dr hab. M. Figiel	2022–2027	2 424 140
25.	Bliskie spotkania trzeciego stopnia: co dzieje się kiedy rybonukleaza Dicer napotyka w komórce RNA i DNA przyjmujące struktury G-kwadrupleksów; 2021/41/B/NZ2/03781	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak	2022–2027	2 158 840

⁶⁹ Zadanie 1. i 3. realizowane wspólnie z Instytutem Dendrologii PAN w Kórniku.

⁷⁰ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁷¹ Zadanie 4. i 5. realizowane wspólnie z Instytutem Podstaw Inżynierii Środowiska PAN.

⁷² Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej; 2021/43/B/NZ7/02221

Zadania ICHB PAN:

1. Profilowanie proteomu biopsji nerki pacjentów z histopatologicznymi objawami odrzucenia oraz pacjentów bez cech odrzucenia (efekt długoterminowy)
– retrospektywna analiza techniką LC-MS w celu identyfikacji białek tkankowych związanych z ostrym odrzuceniem (AR);
2. Profilowanie proteomu i celowana analiza białek immunologicznych RExo+ i DExo+ od pacjentów KTx z różnym statusem klinicznym – prospektywna analiza LC/MS, mająca na celu identyfikację białek różnicujących pęcherzyki biorcy i dawcy oraz związanych z ostrym odrzuceniem (AR);
3. Ilościowa ocena receptorów HLA i innych białek immunomodulujących w egzosomach pacjentów KTx o różnym statusie klinicznym – walidacja kandydatów na biomarkery;
4. Integracyjna analiza systemowa danych molekularnych (proteomika), immunologicznych i klinicznych w celu identyfikacji mechanizmów immunologicznych pośredniczonych przez egzosomy zaangażowane w ostre odrzucenie (AR);⁷³
– projekt realizowany w konsorcjum (lider – Gdański Uniwersytet Medyczny)

dr hab. inż. A. Wojakowska
(kierownik zadań z ramienia ICHB PAN)
dr hab. J. Gołębiewska (kierownik projektu – Gdański Uniwersytet Medyczny)

2022–2027

3 826 344
760 940⁷⁴

26.	Funkcja i dysfunkcja ciągów powtórzeń w transkryptach niekodujących i kodujących białka; 2021/41/B/NZ3/03803	dr hab. A. Fiszer	2022–2027	2 103 000
27.	Kompleksowa analiza fosfoproteomiczna komórek NKT w kontekście roli mechanizmów fosforylacji w progresji miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek; 2021/43/B/NZ2/02796	dr hab. M. Łuczak	2022–2026	2 046 488
28.	Nowe mechanizmy działania białka MFT, warunkujące wrażliwość nasion <i>Medicago truncatula</i> na kwas abscysynowy podczas kiełkowania; 2021/43/B/NZ3/00672	dr J. Banasiak	2022–2026	1 390 600
29.	Poszukiwanie inhibitorów ludzkiej reduktazy δ 1-pyrrolino-5-karboksylanu (PYCR1) jako cząsteczek wiodących w rozwoju nowych leków antynowotworowych; 2021/43/B/NZ7/01611			
30.	Zadania ICHB PAN: 1. Wysokoprzepustowy skrining enzymatyczny; 2. Skrining wirtualny; 3. Krystalograficzny skrining fragmentów; 4. Potwierdzenie hitów, wyznaczenie IC50; 5. Analiza strukturalna kompleksów PYCR1 z hitami;	dr hab. M. Ruszkowski	2022–2026	2 340 692 2 052 772 ⁷⁵

⁷³ Zadanie 3. i 4. realizowane wspólnie z Gdańskim Uniwersytetem Medycznym oraz Narodowym Instytutem Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie.

⁷⁴ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁷⁵ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

6. Projektowanie nowych związków;
 7. Badania inhibicji *in vitro*;
 8. Eksperymenty *in cellulo*;
- projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)

31.	Poszukiwanie nowych celów terapeutycznych w chorobach poliglutaminowych; 2021/43/B/NZ2/01615	prof. dr hab. M. Olejniczak	2022–2026	2 375 000
32.	Synteza i badania strukturalne/biofizyczne modelowych oligomerów mRNA/mt-tRNA w celu określenia roli modyfikowanych nukleozydów (m5C, hm5C, f5C, ca5C, m1G) w translacji i chorobach człowieka; 2021/43/B/ST4/01570 Zadania realizowane przez ICHB PAN: 1. Analiza NMR wyselekcjonowanych dupleksów RNA; 2. Pomiar i analiza widm RNA dla pętli antykodonowych hmt-tRNAMet zawierających f5C34 i G37/m1G37; 3. Wyznaczenie i udokładnienie struktury trójwymiarowej dla pętli antykodonowych hmt-tRNAMet zawierających f5C34 i G37/m1G37; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Politechnika Łódźka)	dr W. Andrałójc (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN) dr hab. inż. G. Leszczyńska (kierownik projektu – Politechnika Łódźka)	2022–2026	1 783 934 520 400 ⁷⁶
33.	Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-ligand. W kierunku racjonalnego projektowania cząsteczek wiodących w rozwoju terapii chorób neurodegeneracyjnych; 2022/45/B/NZ7/03543	dr hab. A. Kiliszek	2023–2028	2 045 208
34.	Termodynamika modyfikowanych RNA. Wpływ modyfikacji RNA na strukturę i funkcje naturalnych RNA oraz transkrybowanych <i>in vitro</i> szczepionkowych mRNA (IVT mRNA); 2022/45/B/ST4/03586	prof. dr hab. R. Kierzek	2023–2028	2 685 220
35.	Opis kluczowych mechanizmów koordynacji i priorytyzacji odpowiedzi jęczmienia na jednoczesne stresy biotyczne i abiotyczne – podejście multiomiczne; 2022/45/B/NZ9/03572	dr hab. A. Piasecka	2023–2027	1 854 644
36.	Charakterystyka funkcjonalna transporterów ABCG obecnych w nasionach <i>Medicago truncatula</i> ; 2022/47/B/NZ9/00443	prof. dr hab. M. Jasiński	2023–2027	1 795 800
37.	Krótkie RNA pochodzące z tRNA (tRF) jako reagujące na stres cząsteczki regulatorowe u soi; 2022/47/B/NZ9/01440	dr hab. A. Tyczewska	2023–2027	2 496 730
38.	W poszukiwaniu aberracji metylacji DNA związanych z podatnością na raka jajnika; 2023/51/B/NZ5/02936	dr M. Suszyńska	2024–2028	2 396 280
39.	Antysensowe oligonukleotydy jako narzędzia specyficznie wiążące wirusowe G-kwadrukseksy oraz ich eksperymentalna weryfikacja; 2023/49/B/ST4/03763	dr M. Szabat	2024–2028	1 591 879
40.	Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych; 2023/49/B/NZ5/03438	dr K. Klonowska	2024–2028	2 254 500

⁷⁶ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

41.	Ocena roli genów BARS1 oraz BARS2, kodującego nową cyklazę oksydoskwalenu, w naturalnym zróżnicowaniu wzrostu i adaptacji Arabidopsis do warunków środowiska; 2024/53/B/NZ2/02784	dr hab. A. Żmienko	2025-2029	1 460 462
42.	Proteomiczne predyktory przerzutowania w raku jelita grubego – badania walidacyjne; 2024/53/B/NZ5/02780 – projekt realizowany w konsorcjum (lider ICHB PAN)	dr hab. A. Wojakowska	2025-2028	2 946 178 2513378 ⁷⁷
43.	Molekularne podstawy działania czynników transkrypcyjnych WRKY jako kluczowych regulatorów odpowiedzi roślin na stres; 2024/53/B/NZ9/04029	dr inż. Marta Grzechowiak	2025-2029	1 957 856
44.	Skocz do akcji z hukiem: Badanie zasad importu długiego niekodującego RNA do mitochondriów i jego biologicznego znaczenia; 2024/53/B/NZ3/03975	dr hab. B. Uszczyńska-Ratajczak	2025-2029	4 184 153
45.	Kompleksowa analiza strukturalna i funkcjonalna mRNA p53 w celu identyfikacji drugo- i trzeciorzędowych struktur RNA istotnych w fizjologii, procesie nowotworzenia i rozwoju terapii chorób człowieka; 2024/53/B/NZ5/01942	dr L. Błaszczyk	2025-2029	2 255 536
46.	Złożona natura białek wielodomenowych: na tropie aktywności ludzkiej rybonukleazy Dicer – spodziewaj się nieoczekiwanego; 2024/55/B/NZ2/02771	dr hab. A. Kurzyńska-Kokorniak	2025-2029	2 669 366

OPUS + LAP

U zarania państwowości środkowoeuropejskich na przykładzie Czech i Polski. Dynastie – elity – społeczeństwa (koniec IX–XI wiek); 2023/51/I/NZ8/02946 Zadania ICHB PAN:				
47.	1. Selekcja materiałów kostnych do analiz izotopowych i genomicznych (NGS); 2. Opis i interpretacja wyników analiz genetycznych, genomicznych i antropologicznych w świetle źródeł pisanych i archeologicznych. Upowszechnienie wyników badań; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – ICHB PAN)	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2024–2027	2 840 703 1 964 442 ⁷⁸

SONATA

48.	Chemiczna architektura fluorowanych analogów dimerów nukleozydów zawierających łącznik 1,2,3-triazolowy o potencjalnym zastosowaniu w biologii molekularnej i medycynie; 2019/35/D/NZ7/03637	dr D. Baraniak	2020–2025	1 086 720
49.	Strategia przeciwnowotworowa bazująca na indukowaniu kwadrupleksów. Właściwości strukturalne i biologiczne kompleksów ligand-RNA/mRNA; 2020/39/D/ST4/03177	dr D. Gudanis-Sobocińska	2021–2026	1 174 250
50.	Długie niekodujące RNA – nowy cel terapii antygrypowej; 2020/39/D/NZ6/03267	dr M. Soszyńska-Jóźwiak	2021–2026	1 535 980

⁷⁷ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

⁷⁸ Wartość realizowanych zadań przez ICHB PAN.

51.	Wpływ nowotworowych mutacji somatycznych w genach miRNA na funkcjonowanie tych cząsteczek i ich potencjalną rolę w nowotworach; 2020/39/D/NZ2/03106	dr P. Galka-Marciniak	2021–2026	1 599 200
52.	Bazujące na podstawie informacji strukturalnej opracowanie inhibitorów demetylaz histonów dla terapii przeciwnowotworowej; 2021/43/D/NZ7/02879	dr P. Małecki	2022–2026	1 641 876
53.	Zgłębienie procesów neurodegeneracyjnych z wykorzystaniem bezpośredniego profilowania selektywnie wrażliwych neuronów; 2021/43/D/NZ3/03006	dr P. Świtoński	2022–2026	1 470 600
54.	Zgłębienie podstaw transportu fenylopropanoidów w modelowej roślinie bobowatej <i>Medicago truncatula</i> ; 2023/51/D/NZ9/00883	dr W. Biała-Leonhard	2024–2027	1 313 330
55.	Modyfikowane reszty nukleotydowe jako potencjalne narzędzie zwiększające oddziaływanie aptameru z docelowym białkiem; 2024/55/D/NZ7/02686	dr W. Kotkowiak	2025–2028	1 614 060
SONATA BIS				
56.	Opracowanie metodologii umożliwiającej stabilizację RNA w formie spinki do badań krystalograficznych; 2017/26/E/NZ1/00950	dr hab. A. Kiliszek	2018–2026	2 250 340
57.	Implikacje funkcjonalne cyrkularnych (kolistych) RNA w neuronach i mózgu; 2018/30/E/NZ3/00624	dr hab. M. Piwecka	2019–2025	3 257 380
58.	Hamowanie aktywności hydrolazy S-adenozyl-L-homocysteiny z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> poprzez wpływ na dynamikę enzymu; 2018/30/E/NZ1/00729	dr hab. K. Brzeziński	2019–2025 ⁷⁹	3 181 200
59.	Funkcjonalne czy niefunkcjonalne? Analiza pozycyjnie zachowanych ortologów długich niekodujących RNA w genomach kręgowców w rozdzielczości subkomórkowej; 2021/42/E/NZ2/00434	dr hab. B. Uszczyńska-Ratajczak	2022–2027	3 999 750
60.	Projektowanie i rozwój inhibitorów hydroksymetylotransferazy serynowej-2 (SHMT2) blokujących wzrost nowotworu; 2023/50/E/NZ7/00501	dr hab. M. Ruszkowski	2024–2029	4 098 956
SONATINA				
61.	Zagadkowa struktura ludzkich czynników transkrypcyjnych GRHL regulujących procesy nowotworzenia; 2022/44/C/NZ1/00085	dr inż. M. Małecka	2022–2026	988 878
62.	Badanie zachowawczości układu hotspotów crossing-over i regulacja ich aktywności w regionach przycentromerowych; 2024/52/C/NZ2/00197	dr M. Szymańska-Lejman	2024–2027	992 507
PRELUDIUM				
63.	Badanie struktury genomowego RNA Ty3 podczas retrotranspozycji w drożdżach; 2021/41/N/NZ3/04060	dr inż. A. Andrzejewska-Romanowska	2022–2025	209 657

⁷⁹ Realizacja w ICHB PAN od 1.10.2020 r.

64.	Wykorzystanie sztucznych miRNA w terapii choroby Huntingtona; 2021/41/N/NZ1/03860	dr inż. A. Kotowska-Zimmer	2022–2025	69 964
65.	Mikroskopowa identyfikacja białek zaangażowanych w naprawę DNA w regionach powtórzeń CAG; 2022/45/N/NZ3/01283	dr inż. M. Nowaczyk	2023–2025	69 998
66.	Gra w ogony: Zrozumienie roli przetwarzania 3'-końca długich niekodujących RNA podczas rozwoju danio pręgowanego; 2022/45/N/NZ2/03622	dr inż. M. Kwiatkowska	2023–2025	139 930
67.	Podłoże genetyczne odporności wybranych ekotypów rośliny modelowej <i>A. thaliana</i> na fitopatogen <i>Pectobacterium carotovorum</i> ; 2023/49/N/NZ2/02102	mgr inż. A. Satyr	2024–2025	69 540
68.	Multiomiczna charakterystyka procesów neurodegeneracji w Zebrin-II pozytywnych i Zebrin-II negatywnych komórkach Purkiniego; 2023/49/N/NZ3/01108	mgr G. Jamróg	2024–2027	210 000

PRELUDIUM BIS

69.	Niekanoniczny splicing pre-mRNA jest zaangażowany w edytowanie zmutowanego allelu CNBP w dystrofii mięśniowej typu drugiego (DM2); 2021/43/O/NZ1/01590	dr hab. M. Wojciechowska	2022–2028	687 900
70.	Rola transpozonów i epigenetycznej regulacji ekspresji genów w procesie wykształcania brodawek korzeniowych u <i>Medicago truncatula</i> ; 2021/43/O/NZ2/01626	dr hab. A. Żmienko	2022–2027	678 880

MINIATURA

71.	Biodrukowane organoidy nowotworowe utworzone z komórek pacjenta do predykcyjnych badań toksykologicznych i opracowywania nowych leków; 2022/06/X/NZ7/01747	dr D. Wawrzyniak	2022–2025	47 149
72.	Uwarunkowania rozwoju biogospodarki z perspektywy regionalnej; 2023/07/X/HS4/00406	dr E. Woźniak-Gientka	2023–2026	9 900
73.	Badanie nowych funkcji niekonwencjonalnej miozyny działającej w mózgu ssaków; 2023/07/X/NZ2/01222	dr W. Wendlandt-Stanek	2023–2025	49 984
74.	Wizualizacja w nanoskali interakcji kompleksu adaptera AP2 z Hippocalcin podczas LTD-indukowanej endocytozy receptora AMPA za pośrednictwem Clatrin przy użyciu mikroskopii superrozdzielczej MINFLUX; 2023/07/X/NZ1/01669	dr V. Cherkas	2023–2025	49 995
75.	Azydofosforany jako chemiczny marker w biokoniugacji kwasów nukleinowych; 2023/07/X/ST5/01635	dr M. Rachwałak	2023–2025	49 500
76.	Testowanie strategii terapeutycznej przywracającej ekspresję genu SMN1 w ludzkich neuronach ruchowych; 2024/08/X/NZ3/01130	dr M. Surdyka	2024–2026	49 720
77.	Identyfikacja gatunkowa zwierzęcych szczątków kostnych ze stanowisk archeologicznych za pomocą spektrometrii mas; 2024/08/X/NZ2/01452	dr inż. A. Strugała	2024–2026	49 605
78.	Otrzymanie dwóch wariantów rybonukleazy Dicer organizmu modelowego <i>Xenopus laevis</i> – przygotowanie do badań aktywności biochemicznych i analiz strukturalnych; 2024/08/X/NZ1/00899	dr A. Szczepańska	2024–2025	49 785

79.	Termodynamiczna identyfikacja oraz charakterystyka struktur G-kwadrupleksu obecnych w pre-mRNA protoonkogenu RON; 2024/08/X/ST4/00521	dr N. Bartyś	2024–2025	47 850
80.	Źródła energii w organoidach glejaka: Mapowanie lokalizacji i aktywności mitochondriów w zróżnicowanych warunkach tlenowych; 2024/08/X/NZ5/01467	dr K. Kuczyński	2024–2026	49 845
81.	Charakterystyka fenotypu organoidów serca uzyskanych z materiału pobranego od pacjentów jako modelu arytmogenicznej kardiomiopatii prawej komory serca; 2024/08/X/NZ3/01338	dr J. Lewandowski	2024–2026	49 995
82.	Dwupłaszczyznowe G-kwadrupleksy stabilizowane jonami Pb ²⁺ – nowe narzędzie dla biologii strukturalnej. / Two-tetrad G-quadruplexes stabilized by Pb ²⁺ ions – a new tool for structural biology; 2025/09/X/NZ1/00731	dr K. Zielińska	2025–2026	49 500
83.	W kierunku wysokorozdzielczej struktury nietypowej glikozylotransferazy z patogennej bakterii Pseudomonas aeruginosa – pomiary metodą Cryo-EM; 2025/09/X/NZ1/01823	dr inż. M. Bejger	2025–2026	

JPND Call 2022 (EU Joint Programme – Neurodegenerative Disease Research)

84.	Mechanizmy molekularne terapeutycznych podejść żywieniowych w neurodegeneracji; 2022/04/Y/NZ2/00119	prof. dr hab. M. Figiel	2023–2027	1 147 408,00
85.	Wykorzystanie mikroRNA i informatycznych narzędzi dla diagnozy i leczenia choroby Alzheimera i demencji; 2023/05/Y/NZ3/00160	dr hab. A. Fiszer	2024–2027	1 054 400

II. PROJEKTY PAN

86.	Nanoscale Hippocampal Signaling in Long-Term Depression in Norm and Primary Dystonia; (LTP UKRAINE) PAN.BFB.S.BWZ.405.022.2023	dr V. Cherkas	2023–2026	1 810 920
-----	--	---------------	-----------	-----------

III. PROGRAMY MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO

Program Perły Nauki

87.	Znaczenie polimorfizmu długości ciągów CAG w patogenezie chorób nowotworowych; PN/01/0083/2022	mgr M. Śmiełowska	2023–2025	239 965
-----	--	-------------------	-----------	---------

IV. PROGRAM SPARK POLAND

88.	Psylocybina jako niedrogi kandydat na terapię choroby Alzheimera; SPARK /02/2025	dr Urszula Kozłowska	2025–2027	300 000
-----	--	----------------------	-----------	---------

V. PROGRAM ODKRYWCY (MINISTERSTWO EDUKACJI NARODOWEJ)

89.	Mikroświaty wyobraźni, czyli biologia, chemia i sztuka w jednym kadrze; MEN/2025/DK/495	mgr M. Osuch	2025	215 000
-----	---	--------------	------	---------

VI. Program „Wsparcie udziału polskich zespołów naukowych w międzynarodowych projektach infrastruktury badawczej”

90.	POL-OPENSOURCE 2.0 – Utrzymanie, Rozwój i Udostępnianie Polskiej Platformy Infrastruktury Sкрiningowej dla Chemii Biologicznej w Kontekście Uczestnictwa w Konsorcjum na Rzecz Infrastruktury Badawczej EU-OPENSOURCE ERIC; 2024/WK/06	dr Dorota Kwiatek-Rożek (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN);	2024–2028	15 350 692,03
-----	--	---	-----------	---------------

Zadania ICHB PAN: 1. Utrzymanie funkcjonalności infrastruktury badawczej wytworzonej w ramach realizacji projektu POL-OPENSSCREEN w latach 2018–2023; 2. Promocja oraz działania mające na celu zaangażowanie i rozwój kompetencji polskiego środowiska naukowego w zakresie budowy i użytkowania infrastruktury badawczej POLOPENSSCREEN. – projekt realizowany w konsorcjum POL-OPENSSCREEN (lider – Instytut Biologii Medycznej PAN)		prof. dr hab. Z. Leśnikowski (kierownik projektu, IBM PAN)	4 318 250 ⁸⁰
---	--	--	-------------------------

VII. PROGRAMY NARODOWEJ AGENCJI WYMIANY AKADEMICKIEJ

Wspólne projekty badawcze NAWA 2024

91.	Walcząc z inwazyjnością glejaka: Kompleksowe profilowanie transkryptomu glejaka wielopostaciowego w przestrzeni i czasie na podstawie organoidowego modelu inwazji nowotworowej; BPN/BIT/2024/1/00064/U/00001	dr hab. K. Rolle	2025–2026	10 400
-----	--	------------------	-----------	--------

Program Sieć NAWA-EURAXESS

92.	One Region, Wide Horizons – Euraxess Wielkopolska; BPI/EUR/2024/1/00005/U/00001	mgr K. Chojnacka	2025–2028	829 995
-----	---	------------------	-----------	---------

Program PROM

93.	PROM – krótkookresowa wymiana akademicka – nabór 2025; BPI/PRO/2025/1/00033	mgr K. Chojnacka	2025–2026	669 920
-----	---	------------------	-----------	---------

VIII. PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU

Program LIDER

94.	Platforma obliczeniowa do optymalizacji ścieżek rozwojowych komórek w celu uzyskania populacji jednorodnych: LIDER13/0221/2022	dr I. Stolarek	2023–2026	1 500 000
95.	Zastosowanie sztucznych miRNA do allelo-selektywnej terapii ataksji rdzeniowo-mózdkowych spowodowanych ekspansją powtórzeń CAG; LIDER15/0156/2024	dr A. Kotowska-Zimmer	2025–2028	1 800 000

⁸⁰ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

IX. PROGRAM FUNDUSZE EUROPEJSKIE DLA NOWOCZESNEJ GOSPODARKI (FENG) 2021–2027

Priorytet II. Środowisko przyjazne innowacjom

Działanie 2.2. FIRST TEAM

96.	Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptomycznego tkanki guza o rozdzielnoci jednokomórkowej; FENG.02.02-IP.05-0361/23	dr M. Zaborowski	2024–2028	3 999 442
-----	---	------------------	-----------	-----------

Działanie 2.4. Badawcza Infrastruktura Nowoczesnej Gospodarki

97.	POL-OPENSREEN – Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej; FENG.02.04-IP.04-0010/24 Zadanie ICHB PAN: 1. Stworzenie i uruchomienie specjalistycznych laboratoriów ICHB PAN – projekt realizowany w konsorcjum (lider – IBM PAN)	dr D. Jakubczyk (kierownik zadania z ramienia ICHB PAN); prof. dr hab. J. Dziadek (kierownik projektu, IBM PAN)	2025–2027	24 831 715,68 15 649 507,20 ⁸¹
98.	ECBiG - Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki - MOSAIC 3D; FENG.02.04-IP.04-0012/24	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2025–2028	40 000 000 ⁸²

X. PROJEKTY ZAGRANICZNE

99.	Yeast cell factory for mRNA bioproduction – YSCRIPT; 964976; Zadania ICHB PAN: W1 – Generation of yeast cell factories for efficient mRNA bioproduction; W 4– Quality control and biological validation of bio-produced mRNA; W 6 – Communication, Dissemination and Exploitation; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Centre National de la Recherche Scientifique)	dr hab. K. Pachulska-Wieczorek (kierownik zadań ramienia ICHB PAN); prof. Chantel Pichon (kierownik projektu, CNRS)	2022–2025	3 073 138,75 EUR 273 310 EUR ⁸³
100.	Integrated Services for Infectious Disease Outbreak Research – ISIDORE; 101046133 Zadania ICHB PAN: WP 10 – Provision of services for diagnostic & therapeutic development; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Research Infrastructure on Highly Pathogenic Agents)	dr hab. J.L. Kolanowski	2022–2025	20 998 624 EUR 8 740 EUR ⁸⁴
101.	Integrated SERVICES supporting a sustainable AGROecological transition – AgroServ; 101058020 Zadania ICHB PAN: WP 17-EU-OPENSREEN – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Centre National de la Recherche Scientifique CNRS)	dr hab. J.L. Kolanowski	2022–2027	14 252 873,35 EUR 72 626 EUR ⁸⁵

⁸¹ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁸² Wartość zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

⁸³ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁸⁴ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁸⁵ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

102.	Alternative gene ends: the crosstalk of RNA cleavage and transcription termination – AlternativeEnds; 101042642 Zadania ICHB PAN: AIM 3 – Unbiased investigation of factors and pathways regulating alternative termination – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2022–2027	1 493 850 EUR 49 250 EUR ⁸⁶
103.	Integrated assessment and Advanced Characterisation of Neuro-Nanotoxicity – iCARE; 10109271 Zadania ICHB PAN: WP 1 – Development of assays for imaging and characterisation of transformations of nanomaterials in complex matrices and their impact on <i>in vitro</i> models. – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Laboratorio Iberico Internacional de Nanotecnologia LIN)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2023–2026	2 744 654,75 EUR 655 625 EUR ⁸⁷
104.	IMProving User experience, Long-term sustainability and Services of EU-OPENSREEN; 101132028 Zadania ICHB PAN: WP1 – Long-term sustainability & access procedures, WP2 – Creating a repository of community compounds, Engagement of public-private initiatives, WP8 – Engagement of public-private initiatives; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC) (EU-OS)	dr hab. J.Ł. Kolanowski	2024–2027	3 999 985 EUR 92 875 EUR ⁸⁸
105.	Assessing efficacy and safety of genome EDITing approaches for Sickle Cell Disease - Hop-on Facility; 101158500 Zadania ICHB PAN: WP3 – Establishment of safe and effective genome editing approaches for SCD; – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Imagine Institut des Maladies Genetiques Necker E FR)	prof. dr hab. M. Olejniczak	2022–2027 ⁸⁹	6 001 250 EUR 487 500 EUR ⁹⁰
106.	Genome of Europe; 101168231 Zadania ICHB PAN: WP5 – Data collection – projekt realizowany w konsorcjum (lider – Erasmus Universitair Medisch Centrum Rotterdam (Erasmus MC)	dr hab. L. Handschuh	2024–2028	20 000 000 EUR 14 999.80 EUR ⁹¹
107.	Plant lessons: Identification of intrinsic and extrinsic factors determining higher plant ABC transporter directionality; IZ11Z0_230926 – projekt realizowany w partnerstwie (koordynator – University of Fribourg) (MAPS)	prof. dr hab. M. Jasiński (kierownik z ramienia ICHB PAN); Dr. M. Geisler (koordynator projektu, FR)	2025–2029	1 042 290 CHF 349 717 CHF ⁹²

⁸⁶ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁸⁷ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁸⁸ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁸⁹ Realizacja w ICHB PAN od 01.03.2024 r.

⁹⁰ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹¹ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹² Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

108.	The Global Viral Ecosystem Research and Preparedness Initiative; 101237031 Zadania ICHB PAN: WP2 - Development of broad spectrum viral countermeasure including antivirals and monoclonal antibodies targeting conserved viral features and diagnostics tools – VERPI; (MSCA SE) – projekt realizowany w konsorcjum (lider – University College Dublin)	prof. dr hab. E. Kierzek (kierownik zadań z ramienia ICHB PAN); Dr. V. Gautier (lider projektu, IE)	2025–2029	1 613 220 EUR 320 640 EUR ⁹³
------	---	---	-----------	--

XI. AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH

109.	Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania, opartej na technologii RNA, zapewniającej krajowe bezpieczeństwo lekowe i epidemiologiczne; 2021/ABM/05/00004 Zadania ICHB PAN: 1. Projektowanie terapeutycznych RNA oraz stworzenie bioinformatycznych narzędzi i baz danych; 2. Chemiczna i biotechnologiczna synteza krótkich i długich RNA; 3. Projektowanie i testowanie strategii dostarczania krótkich i długich RNA; 4. Ocena aktywności biologicznej terapeutycznych RNA w liniach komórkowych; 5. Przedkliniczna ocena skuteczności terapeutyków RNA na modelach zwierzęcych; – projekt realizowany w ramach umowy konsorcjum (lider – Zakłady Farmaceutyczne POLPHARMA S.A.)	prof. dr hab. M. Figlerowicz (kierownik B+R); mgr Katarzyna Rusin (zarządzanie projektem, Zakłady Farmaceutyczne POLPHARMA S.A.)	2021–2027	93 852 588,56 35 207 716,16 ⁹⁴
------	---	--	-----------	--

XII. PROGRAM „WIRTUALNY INSTYTUT BADAWCZY” - SIEĆ BADAWCZA ŁUKASIEWICZ – POLSKI OŚRODEK ROZWOJU TECHNOLOGII (PORT)

110.	Technologia ukierunkowanej analizy pojedynczych komórek na potrzeby diagnostyki nowotworów – wstęp do rozwoju komórkowej medycyny interceptywnej – Wirtualny Instytut Badawczy (WIB); UoF/02-WIB-3/2023-004	prof. dr hab. M. Figlerowicz	2024–2029	40 216 289,50
------	---	------------------------------	-----------	---------------

⁹³ Wartość zadań realizowanych przez ICHB PAN.

⁹⁴ Wartość dofinansowania zadań realizowanych przez Instytut i PCSS.

Projekty realizowane w PCSS w 2025 roku

Lp.	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki
I. PROJEKTY NARODOWEGO CENTRUM BADAŃ I ROZWOJU				
1.	EMMA44 – Pozyskanie informacji z mediów elektronicznych z wykorzystaniem metod sztucznej inteligencji i uczenia maszynowego	dr inż. E. Kuśmerek	2022–2025	8 605 226,03 zł
2.	SusPot – Transparency and Sustainability in the Potato Processing Chain from F2F through Innovative Data Sharing	dr R. Palma de Leon	2023–2026	938 500,00 zł
3.	Współfinansowanie krajowe EuroCC 2 – National Competence Centres in the Framework of EuroHPC Phase 2	mgr inż. T. Piontek	2023–2025	709 315,23 zł
4.	Współfinansowanie krajowe do projektu HIDALGO2 – HPC and Big Data Technologies for Global Challenges	dr inż. N. Meyer	2023–2026	2 361 503,03 zł
5.	CAgriLAB - Consolidated virtual living lab platform for knowledge sharing and adaption in regenerative agriculture	dr R. Palma de Leon	2025-2027	756 839,99 zł
6.	SUSTAINET-Advance – Sustainable Technologies for Advanced Resilient and Energy- Efficient Networks – Advancing resilient and sustainable connectivity for enterprises, communication and energy networks	mgr inż. B. Belter	2025-2028	675 000,00 zł
II. PROGRAMY MINISTRA EDUKACJI I NAUKI/ MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO				
7.	Współfinansowanie krajowe do projektu PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. A. Binczewski	2022–2025	1 323 268,00 €
8.	Współfinansowanie krajowe do projektu SEQRET – Secure and Industrialized Quantum Key Distribution for European Telecom Networks	mgr inż. P. Rydlichowski	2023–2025	482 921,00 zł
9.	Współfinansowanie krajowe do projektu 5G-TACTIC- 5G Trusted And seCure network servICes	mgr inż. B. Belter	2023–2026	461 619,00 zł
10.	Współfinansowanie krajowe do projektu EoCoE-III – Fostering the European Energy Transition with Exascale	dr inż. N. Meyer	2024-2026	484 815,00 zł
11.	Współfinansowanie krajowe do projektu EUROfusion 2025 – Implementation of Activities Described in the Roadmap to Fusion during Horizon Europe through a Joint Programme of the Members	dr inż. N. Meyer	2025	2 300 691,00 zł
12.	Współfinansowanie krajowe do projektu 3DBigDataSpace – Duże Dane 3D w Przestrzeni Danych dla Dziedzictwa Kulturowego	mgr inż. A. Nowak	2025-2026	540 523,00 zł
13.	Egde.pl – Pilotażowe wdrożenie systemu węzłów brzegowych w Polsce	mgr inż. B. Belter	2025-2026	3 500 000,00 zł
14.	Współfinansowanie krajowe do projektu 3D-4CH – Internetowe centrum kompetencji w 3D na rzecz Dziedzictwa Kulturowego	mgr inż. A. Nowak	2025-2028	488 882,00 zł

III. PROGRAMY POLSKIEJ AGENCJI ROZWOJU PRZEDSIĘBIORCZOŚCI

15.	Współfinansowanie krajowe do projektu CyberSec – National Center for Secure Digital Transformation	dr inż. N. Meyer	2023–2026	1 999 507,94 zł
-----	--	------------------	-----------	-----------------

IV. FUNDACJA ROZWOJU SYSTEMU EDUKACJI

16.	Up2DigiSchool – Up2DigiSchool – A Viable Pedagogical Approach for Digital School Education based on the Experience of Up2U	mgr inż. T. Piontek	2022–2025	71 050,00 €
17.	AI-ENTR4YOUTH – Blending AI and Entrepreneurship Education for Youth	mgr inż. T. Piontek	2023–2025	73 130,00 €
18.	SOULSS – Scaffolding Online University Learning: Support Systems	mgr inż. T. Piontek	2022–2025	80 000,00 €
19.	GenAI	mgr inż. T. Piontek	2024–2025	60 000,00 €
20.	EmpowerHer: Empowering Breast Cancer Survivors through Exercise and Social Support	mgr inż. J. Pukacki	2024–2027	57 520,00 €
21.	ObeTech - Developing digital and AI skills for healthcare professionals to tackle obesity	mgr inż. T. Piontek	2025-2027	46 540,00 €

V. MINISTERSTWO CYFRYZACJI

22.	Współfinansowanie krajowe do projektu PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. A. Binczewski	2023–2025	6 194 007,59 zł
-----	---	------------------------	-----------	-----------------

VI. AGENCJA BADAŃ MEDYCZNYCH

23.	RCMC – Uniwersyteckie Centrum Medycyny Cyfrowej i Medycyny Precyzyjnej o specjalizacji w Kompleksowym Fenotypowaniu Chorób Cywilizacyjnych	mgr inż. J. Pukacki	2023–2027	4 725 000,00 €
24.	AI MMG - AI support in screening mammography, prospective research experiment	mgr inż. M. Kosiedowski	2025-2031	2 882 590,00 zł

VII. PROJEKTY ZAGRANICZNE

25.	EAP CONNECT2 - EU4Digital: Connecting Research and Education communities	mgr inż. R. Tuminauskas	2021–2025	67 200,00 €
26.	ILIAD – Integrated Digital Framework for Comprehensive Maritime Data and Information Services	dr R. Palma de Leon	2022–2025	329 000,00 €
27.	AI4EOSC – Artificial Intelligence for the European Open Science Cloud	dr inż. N. Meyer	2022–2025	366 500,00 €
28.	Skills4EOSC – Skills for the European Open Science Commons: Creating a Training Ecosystem for Open and FAIR Science	mgr inż. R. Tuminauskas	2022–2025	206 000,00 €
29.	interTwin – An interdisciplinary Digital Twin Engine for Science	dr inż. N. Meyer	2022–2025	88 375,00 €
30.	AD4GD – All Data 4 Green Deal – An Integrated, FAIR Approach for the Common European Data Space	dr R. Palma de Leon	2022–2025	438 500,00 €
31.	SLICES-PP – Scientific Large-scale Infrastructure for Computing/Communication Experimental Studies – Preparatory Phase	mgr inż. B. Belter	2022–2025	295 000,00 €
32.	SoBigData RI PPP – Sobigdata RI Preparatory Phase Project	mgr inż. B. Belter	2022–2025	25 000,00 €

33.	ICOS – Towards a Functional Continuum Operating System	dr inż. N. Meyer	2022–2025	396 000,00 €
34.	CyberSec – National Center for Secure Digital Transformation	dr inż. N. Meyer	2023–2026	524 993,73 €
35.	ScaleAgData	dr inż. M. Płóciennik	2023–2026	150 750,00 €
36.	PIONIER-Q – PIONIER-Q Polish Quantum Communication Infrastructure	mgr inż. A. Binczewski	2023–2025	2 646 534,25 €
37.	SEQRET – Secure and Industrialized Quantum Key Distribution for European Telecom Networks	mgr inż. P. Rydlichowski	2023–2025	124 922,50 €
38.	DATAMITE – DATA Monetization, Interoperability, Trading & Exchange	dr inż. N. Meyer	2023–2025	532 750,00 €
39.	GN5-2	mgr inż. A. Binczewski	2025-2027	5 250 926,00
40.	HIDALGO2 – HPC and Big Data Technologies for Global Challenges	dr inż. N. Meyer	2023–2026	517 125,00 €
41.	agrifoodTEF – Test and Experiment Facilities for the Agri-Food Domain	dr inż. N. Meyer	2023–2027	1 122 430,00 €
42.	EuroCC 2 – National Competence Centres in the Framework of EuroHPC Phase 2	mgr inż. T. Piontek	2023–2025	306 148,40 €
43.	SUBMERSE – Submarine Cables for Research and Exploration	mgr inż. A. Binczewski	2023–2026	441 000,00 €
44.	5G-TACTIC – 5G Trusted and Secure Network Services	mgr inż. B. Belter	2023–2026	119 412,00 €
45.	EUROfusion 2024 – Implementation of Activities Described in the Roadmap to Fusion during Horizon Europe through a Joint Programme of the Members of the EUROfusion Consortium	dr inż. N. Meyer	2025	537 984,75 €
46.	Superheroes4Science II – Superheroes4Science II	mgr inż. D. Niemir	2023–2025	11 552,94 €
47.	OSTrails – Open Science Plan-Track-Assess Pathways	dr R. Palma de Leon	2024–2027	153 125,00 €
48.	GreenDIGIT – Greener Future Digital Research Infrastructures	mgr inż. B. Belter	2024–2027	265 000,00 €
49.	ATRIUM – Advancing FronTier Research In the Arts and hUManities	mgr inż. T. Parkoła	2024–2027	308 685,00 €
50.	OPENAgri – Democratising digital farming through tailored open source and open hardware solutions	dr inż. M. Płóciennik	2024–2026	167 000,00 €
51.	PoliRuralPLUS – Fostering Sustainable, Balanced, Equitable, Place-based and Inclusive Development of Rural-Urban Communities’ Using Specific Spatial Enhanced Attractiveness Mapping ToolBox	dr R. Palma de Leon	2024–2026	278 750,00 €
52.	HEATWISE – Holistic Energy management And Thermal Waste Integrated System for Energy Optimization	dr hab. inż. A. Oleksiak	2024–2026	312 750,00 €
53.	EoCoE-III – Fostering the European Energy Transition with Exascale	dr inż. N. Meyer	2024–2026	123 750,00 €
54.	ECHOES – European Cloud for Heritage OpEn Science	mgr inż. T. Parkoła	2024–2029	1 385 625,00 €
55.	SUSTAINIGHT – Scientists from various fields work together for the sustainable development of our planet	mgr inż. D. Niemir	2024–2026	41 300,00 €
56.	HERIFORGE – Cultural heritage and immersive technologies for innovation forge	mgr inż. T. Parkoła	2024–2027	1 062 500,00 €
57.	3DBigDataSpace – 3D Big Data for the Data Space for Cultural Heritage	mgr inż. A. Nowak	2025-2026	140 329,43 €

58.	GRAPHIA - Knowledge Graphs, AI Services and Next Generation Instrumentation for Research and Development in Social Sciences and Humanities	mgr inż. A. Nowak	2025-2027	716 750,00 €
59.	LUMEN – Linked User-driven Multidisciplinary Exploration Network	mgr inż. A. Nowak	2025-2027	626 250,00 €
60.	FAIR2Adapt – FAIR to Adapt to Climate Change	dr R. Palma de Leon	2025-2027	565 875,00 €
61.	3D-4CH/UE – Online competence centre in 3D for Cultural Heritage	mgr inż. A. Nowak	2025-2028	128 935,00 €
62.	CEADS – Deploying and operating a European framework for the secure and trusted data space for agriculture	dr R. Palma de Leon	2025-2028	195 863,50 €
63.	SAGE – The Data Space for a Sustainable Green Europe	dr R. Palma de Leon	2025-2028	134 766,50 €
64.	AgData	dr R. Palma de Leon	2025-2032	90 750,00 €
65.	BlueBird – Building-integrated User-Empowered flexibility trading	dr hab. inż. A. Oleksiak	2025-2027	383 250,00 €
66.	QEC4QEA – Quantum Excellence Centre for Quantum-Enhanced Applications	dr hab. inż. K. Kurowski	2025-2029	268 896,88 €
67.	EUROQHPC-I – EuroQHPC-Integration	dr hab. inż. K. Kurowski	2025-2029	1 000 000,07 €
68.	OSCARS -O.S.C.A.R.S. – Open Science Clusters’ Action for Research and Society	mgr inż. A. Nowak	2025-2026	30 000€
69.	StratiGraph – A European Collaborative Cloud for Cultural Heritage – Innovative tools for documenting, interlinking and organising data	mgr inż. J. Pukacki	2025-2029	447 000,00 €
70.	PIAST AI Factory	mgr inż. T. Parkoła	2025-2028	4 300 000,00 €
71.	CTIS4NIS – CyberThreat Information Sharing enabling Network and Information systems Security in the EU	mgr inż. B. Belter	2025-2028	128 079,00 €
72.	CANDLE – National CANcer data Node Developers	mgr inż. J. Pukacki	2025-2028	0,00 €

VIII. PROGRAM OPERACYJNY: FUNDUSZE EUROPEJSKIE DLA NOWOCZESNEJ GOSPODARKI 2021–2027 (FENG)

73.	ŚWIATOWID – Krajowa infrastruktura badawcza do rozwoju systemów GNSS/ADS-B ze szczególnym uwzględnieniem automatycznej detekcji zagrożeń ŚWIATOWID	mgr inż. A. Binczewski	2024–2029	72 121 622,30 zł
74.	Q-Chronos – System mobilnych sensorów kwantowych z zegarami optycznymi zintegrowanych w sieciach telekomunikacyjnych Q-ChronoS	mgr inż. W. Bogacki	2024–2029	49 501 019,43 zł
75.	Science4Business – „Science4Business - Nauka dla biznesu”	dr A. Olszewski	2025-2028	2 988 528,00 zł
76.	AgriFoodTEF – Test and Experiment Facilities for the Agri-Food Domain	dr inż. N. Meyer	2023-2027	5 294 502,30 zł
77.	NEXT DATA AI – Opracowanie innowacyjnego narzędzia do wspomagania diagnostyki i automatycznego opisu obrazów radiologicznych z wykorzystaniem narzędzi sztucznej inteligencji	dr A. Olszewski	2024-2026	2 089 123,20 zł
78.	WEDROWNQ – Polska infrastruktura satelitarnych systemów komunikacji kwantowej.	mgr inż. P. Rydlichowski	2025-2029	103 821 958,34 zł
79.	PLAI4SCIENCE – Polska sieć infrastruktury badawczej dla nauk ścisłych wspomaganych sztuczną inteligencją	mgr inż. B. Belter	2025-2029	31 782 200,54 zł

80.	MOSAIC 3D – ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC 3D	mgr inż. J. Pukacki	2025-2028	16 799 337,14 zł
81.	KMD4EOSC - Krajowy Magazyn Danych. Uniwersalna infrastruktura dla składowania i udostępniania danych oraz efektywnego przetwarzania dużych wolumenów danych w modelach HPC, BigData i sztucznej inteligencji	dr inż. N. Meyer	2025-2027	33 579 543,35 zł
82.	ERIHS.PL – Polska infrastruktura dla badań nad dziedzictwem kulturowym – ERIHS.PL	mgr inż. T. Parkoła	2025-2027	16 042 858,75 zł

IX. PROGRAM OPERACYJNY: FUNDUSZE EUROPEJSKIE NA ROZWÓJ CYFROWY 2021–2027 (FERC)

83.	Bliżej Teatru. Digitalizacja i udostępnianie zasobów archiwalnych Teatru Polskiego we Wrocławiu	mgr inż. A. Nowak	2025-2028	3 833 135,00 zł
-----	---	-------------------	-----------	-----------------

X. KRAJOWY PLAN ODBUDOWY

84.	DARIAH-PL (KPO) – Cyfrowa Infrastruktura Badawcza dla Humanistyki i Nauk o Sztuce DARIAH-PL	mgr inż. T. Parkoła	2024–2025	11 492 788,79 zł
85.	PL5G2 – Krajowe laboratorium sieci i usług 5G wraz z otoczeniem	mgr inż. B. Belter	2024–2025	15 071 666,00 zł
86.	OncoGenRisk – System wspomagania decyzji w ocenie ryzyka genetycznego	mgr inż. M. Kosiedowski	2025-2026	2 324 760,00 zł

XI. NARODOWE CENTRUM NAUKI

87.	WEAVE – Algorytmy i rozwiązania sprzętowe dla synchronizacji i dystrybucji optycznych	dr inż. K. Turza	2023–2026	331 840,00 zł
-----	---	------------------	-----------	---------------

XII. FUNDUSZE EUROPEJSKIE DLA WIELKOPOLSKI NA LATA 2021–2027

88.	SKSnet – Rozwój e-usług na rzecz podnoszenia sprawności fizycznej, świadomości zdrowotnej oraz odporności na stres wśród	mgr inż. M. Kosiedowski	2023–2025	2 388 384,59 zł
89.	EnergyLab – PSNC EnergyLab – wsparcie B+R dla kompleksowej transformacji społeczno-gospodarczej w Wielkopolsce Wschodniej z wykorzystaniem technologii informacyjno-komunikacyjnych nowych generacji	mgr inż. T. Piontek	2023-2028	31 464 000,00 zł
90.	AI4poznan.pl – Automatyzacja funkcjonalności stron (poznan.pl i BIP)	mgr inż. M. Kosiedowski	2025-2026	152 039,16 zł

Współpraca naukowa z partnerami krajowymi

1. **Badania strukturalne enzymów biosyntezy L-metioniny**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. dr hab. Wojciech Rypniewski; Zakład Badań Strukturalnych RNA ICHB PAN;
Dr hab. Iwona Gabriel; Politechnika Gdańska
2. **Poszukiwanie genów/mutacji modyfikujących fenotyp pacjentów z TSC**
Dr Katarzyna Klonowska, Marcin Drzewiecki; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Prof. dr hab. n. med. Sergiusz Józwiak; Instytut 'Pomnik-Centrum Zdrowia Dziecka', Warszawa
Prof. dr hab. n. med. Katarzyna Kotulska-Józwiak; Instytut 'Pomnik-Centrum Zdrowia Dziecka', Warszawa
3. **Analiza mutacji somatycznych w regionach regulatorowych w raku płaskonabłonkowym krtani**
Dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Paulina Gałka-Marciniak; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Maciej Giefing; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
4. **Badanie potencjału krótkich niekodujących bakteryjnych RNA do przyjmowania struktur G-kwadrupleksu**
Dr inż. Agnieszka Szczepańska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein
Dr Dorota Gudanis-Sobocińska; Zakład Biomolekularnego NMR ICHB PAN;
Dr Karolina Zielińska; Pracownia NMR ICHB PAN;
Natalia Lewandowska, dr Sylwia Bloch, dr hab. Bożena Nejman-Faleńczyk, prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn; Uniwersytet Gdański
5. **Zastosowanie sztucznej inteligencji do poszukiwania fenotypów jądrowych w SCA7**
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Jamróg; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Dr Grzegorz Bartyzel; Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie
6. **Analiza częstości występowania SCA27B w populacji polskiej**
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Jamróg; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Dr. Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr hab. n. med. Magdalena Badura-Stronka, dr Adam Hirschfeld; Diagnostyka GENESIS Sp. z o.o., Poznań
7. **Analiza histonowych modyfikacji potranslacyjnych w neuronach Purkiniego w SCA7**
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Jamróg; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Dr Michał Tracz; Uniwersytet Wrocławski
8. **Opracowanie projektu testu diagnostyczno-prognostycznego dla stwardnienia rozsianego**
Dr Paweł M. Świtoński; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Dr hab. Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Prof. dr hab. med. Krzysztof Selmaj; Centrum Neurologii, Łódź;
Prof. dr hab. n. med. Marcin Mycko; Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

9. **Opracowanie ustandaryzowanych zbiorów danych testowych dla problemu projektowania RNA oraz modeli uczenia maszynowego w oparciu o bazy danych RNAsolo i Rfam**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Jan Badura, dr hab. inż. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska
10. **Modelowanie szlaku Hippo, jednego z głównych szlaków sygnałowych odpowiedzialnych za przerzutowanie komórek czerniaka**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz, Bogumiła Szubert; Politechnika Poznańska
11. **Modelowanie ścieżki sygnałnej PI3-Akt; Modelowanie ścieżki sygnałnej mTOR**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Politechnika Poznańska
12. **Modelowanie szlaków metabolicznych zaangażowanych w powstawania biofilmu u bakterii**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz; Politechnika Poznańska
Prof. dr hab. inż. Ewa Kaczorek, dr hab. inż. Wojciech Smulek; Politechnika Poznańska
13. **Ukierunkowana na cel degradacja miRNA w komórkach raka piersi**
Dr hab. inż. Agnieszka Rybarczyk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Dr hab. Tomasz Lehmann; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
14. **Analiza właściwości fizycznych kolagenu przy użyciu mikroskopu sił atomowych**
Dr inż. Marcin Radom; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. n. med. Dorota Formanowicz, Łukasz Gutowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
15. **Identyfikacja czynników molekularnych związanych z różnicowaniem komórek przewodzących floemu *Populus trichocarpa***
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka, Magdalena Trybus, dr Agnieszka Gąbka-Buszek, Jakub Kubiś; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek ICHB PAN;
Dr hab. Agnieszka Bagniewska-Zadworna; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
16. **Zastosowanie płynnej biopsji w diagnostyce raka jajnika**
Dr hab. Paulina Jackowiak, dr Anna Samelak-Czajka; Pracownia Analiz Pojedynczych Komórek ICHB PAN;
Dr hab. Anna Supernat, Gdański Uniwersytet Medyczny
17. **Wystawa miejska “Kod kulturowy vs. Kod genetyczny”**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, Marcin Osuch; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;
Dr hab. Lucyna Talejko-Kwiatkowska, dr Agata Kulczyk, Uniwersytet Artystyczny w Poznaniu, Iwona Matuszczak-Szulc, Aleksandra Zaaremba, Urząd Miasta Poznania
18. **Charakterystyka aktywności białek SNAD**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, Karolina Hoffa-Sobiech; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Andrzej Ciereszko; Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn
19. **Charakterystyka aktywności mutantów białka APOBEC3A wobec niekanonicznych substratów DNA i RNA**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Lucyna Budźko, Jarosław Sikora, Karolina Hoffa-Sobiech; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;

- Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu;
Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy
20. **Stworzenie organoidów 3D dla testów lekooporności**
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski,
dr inż. Marcin Jukiewicz, Kinga Piątek-Bajan; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
ICHB PAN;
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych ICHB PAN;
Cezary Kliczewski; Medicoforma Biotech S.A., Poznań
 21. **Algorytm do personalizacji leczenia raka jajnika na podstawie przestrzennego modelu transkryptomycznego tkanki guza o rozdzielczości jednokomórkowej**
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski,
dr inż. Marcin Jukiewicz, Kinga Piątek-Bajan; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
ICHB PAN;
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych ICHB PAN;
Prof. dr hab. n. med. Ewa Nowak-Markwitz; Ginekologiczno-Położniczy Szpital Kliniczny Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 22. **Identyfikacja obszarów nowotworowych w tkance raka jajnika**
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski,
dr inż. Marcin Jukiewicz, Kinga Piątek-Bajan; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
ICHB PAN;
Dr Jarosław Lewandowski; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych ICHB PAN;
Dr Piotr Jasiński; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Ginekologiczno-Położniczy Szpital Kliniczny Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
 23. **Analiza profilu wybranych neuroprzekaźników wyplawka *Schmidtea mediterranea***
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, Marcin Osuch; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
ICHB PAN;
Dr Natalia Koralewska; Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkankowych ICHB PAN;
Dr hab. Daniel Gackowski; Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu;
Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy
 24. **Analiza genomów i transkryptomów pacjentów hematologicznych z wykorzystaniem technologii NGS**
Dr hab. Luiza Handschuh, dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak, dr Klementyna Marciniak,
dr Jan Podkowiński, Magdalena Rakoczy, inż. Weronika Litowczenko;
Pracownia Genomiki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Krzysztof Lewandowski, Anna Płotka; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Poznań
 25. **Analiza genomów kopalnych z wykorzystaniem NGS**
Prof. dr. hab. Marek Figlerowicz, dr Katarzyna Ratajczak, Mariana Alegria, Michał Golubiński;
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;
Dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Józef Dobosz, dr hab. Marzena Matla, dr Robert Tomczak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu;

- Prof. dr hab. Marzena Szmyt, dr Dorota Lorkiewicz-Muszyńska, Paweł Pawlak; Muzeum Archeologiczne w Poznaniu;
- Dr Marta Rychtarska, dr Paweł Sankiewicz, Magdalena Miciak, Ewa Pawlak, Anna Wrzeńska, Jacek Wrzeński; Muzeum Pierwszych Piastów na Lednicy
26. **Ocena ryzyka progresji niskozróżnicowanego raka endometrium na podstawie obrazu tkanki nowotworowej**
Dr Mikołaj Zaborowski, Łukasz Ciecierski, dr inż. Marcin Jukiewicz, Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;
Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Ginekologiczno-Położniczy Szpital Kliniczny UMP
27. **Opracowanie komórkowego modelu badawczego arytmogennej kardiomiopatii prawej komory (AKPK)**
Dr Jarosław Lewandowski, dr Natalia Koralewska, Pracownia Hodowli Komórkowych i Tkanek ICHB PAN;
Prof. dr hab. n. med. Elżbieta Biernacka, Narodowy Instytut Kardiologii Stefana kardynała Wyszyńskiego – Państwowy Instytut Badawczy
28. **Badanie związku pomiędzy retrogenami ulegającymi ekspresji w trakcie spermatogenezy a retrotranspozonami**
Dr hab. Zbigniew Warkocki; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;
Dr hab. Natalia Rozwadowska, Agata Barszcz; Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
29. **Danio przegowany – hodowla ryb**
Dr inż. Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA ICHB PAN;
Dr Joanna Dodzian, dr Magdalena Góra; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
30. **Funkcjonalna charakterystyka lncRNA w genomie danio przegowanego**
Dr inż. Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA ICHB PAN;
Prof. dr hab. Jacek Kuźnicki; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
31. **Analiza lncRNA w rozdzielnicy subkomórkowej**
Mohammad Yaghmour; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA ICHB PAN;
Dr hab. Carlo Vascotto; Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych PAN w Warszawie
32. **Wykorzystanie mikrokalorymetrii do charakterystyki wysokospecyficznych asparaginaz klasy I**
Dr Joanna Śliwiak; Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN;
Dr hab. Joanna Loch; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
33. **Produkcja białka OspC 7b do immunizacji nornicy rudej w ramach projektu „Badania koewolucji gospodarz-pasożyt na podstawie analizy poziomu przeciwciał anti-OspC u nornicy rudej”**
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN;
Prof. dr hab. Jacek Radwan; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
34. **Aspekty topologiczne krystalografii**
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;
Dr Bartosz Naskręcki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

35. **Pomiar oddziaływań białka G3BP1 (N-końcowa domena NTF2L) z wariantami mutacyjnymi N-terminalnego peptydu nukleoproteiny orthobunyawirusa La Crosse przy użyciu kalorymetrii**
Dr Joanna Śliwiak; Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN;
Dr Piotr Gerlach; Międzynarodowy Instytut Mechanizmów i Maszyn Molekularnych Polskiej Akademii Nauk, Warszawa
36. **Synteza inhibitorów PYCR1**
Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;
Prof. dr hab. Marek Bernard; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
37. **Badania strukturalne materiałów niekryształicznych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych ICHB PAN;
Prof. dr hab. Marta Płońska-Brzezińska; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
38. **Sole imidazoliowe na bazie kannabichromenu jako obiecujące środki antybakteryjne**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych
Dr Agnieszka Hryniewicka; Uniwersytet Medyczny w Białymstoku
39. **Analiza wpływu modyfikacji f^C w pozycji 34 oraz mutacji A37→G37 na strukturę pętli antykodonowej ludzkiego mitochondrialnego tRNA^{Met} (hmt-tRNA^{Met})**
Mikołaj Podlewski, dr Witold Andrałojć; Zakład Biomolekularnego NMR ICHB PAN;
Dr Karolina Zielińska, dr Karol Pasternak; Pracownia NMR ICHB PAN;
Dr hab. inż. Grażyna Leszczyńska; Politechnika Łódzka
40. **Analiza wpływu długości pętli zbudowanych z reszt tymidyny na strukturę dwupłaszczynowych G-kwadrupleksów**
Amadeusz Woś, dr Witold Andrałojć, dr Dorota Gudanis-Sobocińska, prof. dr hab. Zofia Gdaniec; Zakład Biomolekularnego NMR ICHB PAN;
Dr Karol Pasternak; Pracownia NMR
Dr hab. inż. Jacek Czub; Politechnika Gdańska
41. **Analiza ekspresji wybranych mRNA i cyrkularnych RNA w próbkach krwi pacjentów z SCA7**
Dr hab. Agnieszka Fiszer, Weronika Pawlik, dr Magdalena Woźna-Wysocka; Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN;
Dr hab. Jarosław Dulski, prof. dr hab. Jarosław Sławek; Gdański Uniwersytet Medyczny
42. **Realizacja projektu: „Opracowanie uniwersalnej platformy szybkiego reagowania opartej na technologii RNA, zapewniającej lekowe i epidemiologiczne bezpieczeństwo kraju”**
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów ICHB PAN;
Prof. dr hab. Maciej Figiel; Zakład Proteomiki Biomedycznej ICHB PAN;
Dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN;
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Marta Olejniczak; Zakład Inżynierii Genomowej ICHB PAN;
Dr hab. Katarzyna Rolle; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN;
Dr inż. Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej ICHB PAN;
Zakłady Farmaceutyczne POLPHARMA S.A., Warszawa

43. **Rola niekodujących RNA w rozwoju patogenezy SCA3**
Dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka, dr hab. Agnieszka Fiszer; Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN;
Dr hab. Michał Szcześniak, prof. dr hab. Izabela Makałowska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
44. **Badania regeneracji *Saccharomyces cerevisiae* poddanych łagodnym stresom abiotycznym z wykorzystaniem wysokorozdzielczej trójwymiarowej tomografii fazowej**
Dr hab. Kamilla Grzywacz, dr hab. Agata Tyczewska; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych ICHB PAN;
Dr inż. Monika Chaszczyńska-Markowska; Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda PAN we Wrocławiu
45. **Badania wchłaniania i retencji komórkowej nanocząsteczek**
Dr hab. Agata Tyczewska, dr hab. Kamilla Grzywacz; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych ICHB PAN;
Dr Patrick Perrigue, Kaja Jaskot; Centrum NanoBioMedyczne Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu;
Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
46. **Badania przesiewowe leków o niskiej masie cząsteczkowej przy użyciu *Caenorhabditis elegans***
Dr hab. Agata Tyczewska, dr hab. Kamilla Grzywacz; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych ICHB PAN;
Dr hab. Elżbieta Studzińska-Sroka; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
47. **Molekularne podłoże redukcji bólu łokcia tenisisty za pomocą osocza bogatopłytkowego bogatego i ubogiego w leukocyty – randomizowane badanie kontrolne i analiza płytek krwi pojedynczych komórek**
Dr hab. Kamilla Grzywacz, dr hab. Agata Tyczewska, Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych ICHB PAN;
Dr Joanna Wałęcka; Rehasport Gdańsk
48. **Badanie oddziaływań pronukleotydów z błonami fosfolipidowymi**
Dr Joanna Romanowska, prof. dr hab. Adam Kraszewski, dr hab. Michał Sobkowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych ICHB PAN;
Dr Monika Rojewska, prof. dr hab. Krystyna Prochaska; Politechnika Poznańska
49. **Modelowanie domen transbłonowych białek ABC**
Dr inż. Wanda Biała-Leonhard, prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;
Dr hab. Jan Brezovsky; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
50. **Wpływ mikoryzy arbuskularnej na odpowiedź *Lotus japonicus* na stres suszy**
Dr Joanna Banasiak; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;
Dr Karolina Jarzyniak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
51. **Analiza poziomu metylacji w obszarach promotorowych 9 genów związanych z predyspozycją do raka jajnika**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Malwina Suszyńska; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Paweł P. Jagodziński, prof. dr hab. Adrianna Mostowska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

52. **W poszukiwaniu aberracji metylacji DNA związanych z podatnością na raka jajnika**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Malwina Suszyńska; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Dr hab. n. med. Karolina Chmaj-Wierchowska, prof. Ewa Nowak-Markwitz, dr Mikołaj Zabowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
53. **Analiza mutacji genu *MIR142* w liniach komórkowych nowotworów krwi**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, dr Paulina Gałka-Marciniak, Adrian Tiré, Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Maciej Giefing, Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań
54. **Identyfikacja i analiza ekspresji różnicowej RNA oraz alternatywnego splicingu w modelach komórkowych z niedoborem czynników splicingowych MBNL i SFPQ**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Krzysztof Sobczak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
55. **Opracowanie protokołu do składania transkryptomu *de novo*. Identyfikacja genów ulegających ekspresji i analiza ekspresji różnicowej genów w cyjanobakteriach *A. klebahnii* pochodzących z jezior o podwyższonej temperaturze**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr Łukasz Wejnerowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
56. **Charakterystyka transkryptomu blastomerów przedimplantacyjnych zarodków bydła lub świni**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Dorota Cieślak, dr hab. inż. Piotr Pawlak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
57. **Identyfikacja markerów genetycznych i epigenetycznych związanych z wnętrstwem psów. Analiza ekspresji różnicowej miRNA w jądrach niezstąpionych psów oraz identyfikacja celowych cząsteczek mRNA dla miRNA**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Marek Świtoński; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
58. **Poznanie podłoża molekularnego zmienności antygenów erytrocytarnych koni z wykorzystaniem metod serologicznych i genetycznych. Opracowanie protokołu do identyfikacji wariantów genetycznych na podstawie danych RNA-Seq korelujących z typem krwi koni**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr hab. Jakub Cieślak; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
59. **Mechanizmy zaburzeń wczesnego rozwoju zarodka w hiperhomocysteinemii. Analiza ekspresji genów w trzech kolejnych pokoleniach zarodków mysich**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr inż. Joanna Suszyńska-Zajczyk; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
60. **Charakterystyka mikrobiomu fizjologicznych i patologicznych dróg rodnych suk**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr hab. inż. Piotr Pawlak, dr n. wet. Natalia Sowińska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
61. **Identyfikacja i analiza ekspresji różnicowej miRNA w komórkach nabłonkowych macicy koni z endometriozą po ekspozycji na specyficzne makrofagi**
Dr Arkadiusz Kajdasz; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Ewelina Żebrowska; Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN, Olsztyn
62. **Mykobiom i jego wpływ na odpowiedź immunologiczną u pacjentów z czerniakiem**
Dr hab. Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Jacek Mackiewicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Macinkowskiego w Poznaniu

63. **Mikrobiom i jego wpływ na przebieg i leczenie choroby Crohna**
Dr hab. Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Prof. dr hab. Piotr Eder; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
64. **Analiza bioinformatyczna chromosomów 1H oraz 6H mutantów jęczmienia (*Hordeum vulgare* L.) ukierunkowana na selekcję odmian genetycznych o zwiększonej odporności**
Dr Natalia Szóstak, Maciej Michalczyk; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr hab. Paweł Czembor; Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
65. **Opracowanie protokołu obliczeniowego w celu analiz mutacji somatycznych u pacjentów z rakiem płuc**
Dr Natalia Szóstak; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr hab. Bartłomiej Budny; Wielkopolskie Centrum Pulmonologii i Torakochirurgii
66. **Bioinformatyczna platforma integracji danych multi-omicznych do przewidywania odpowiedzi na immunoterapię w nowotworach**
Dr Natalia Szóstak, dr hab. Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Dr hab. Bartłomiej Budny; Wielkopolskie Centrum Pulmonologii i Torakochirurgii;
Prof. dr hab. Jacek Mackiewicz; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu;
Prof. dr hab. Krzysztof Krawiec; Politechnika Poznańska
67. **Wykorzystanie związków małowcząsteczkowych w epigenetycznej terapii złośliwych glejaków mózgu**
Dr Agnieszka Belter; Zakład Inżynierii Genomowej ICHB PAN;
Dr hab. n. med. Anna Maria Barciszewska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
68. **Identyfikacja genetycznych podstaw odporności wybranych ekotypów *Arabidopsis* na *Pectobacterium crotovorum***
Dr hab. Agnieszka Żmieńko, Anastasiia Satyr; Zakład Genomiki Roślin ICHB PAN;
Dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stępińska, dr hab. Krzysztof Krawczyk; Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu
69. **Identyfikacja i adnotacja elementów mobilnych w asemblacjach *de novo* genomu *Medicago truncatula***
Dr hab. Agnieszka Żmieńko, Paulina Poniatowska-Rynkiewicz; Zakład Genomiki Roślin ICHB PAN;
Dr Wojciech Makołowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
70. **Badania czynników związanych z częstością i umiejscowieniem zjawisk crossing-over u roślin**
Dr Maja Szymańska-Lejman; Zakład Genomiki Roślin ICHB PAN;
Prof. dr hab. Piotr Ziółkowski; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
71. **Ciałka retikulum endoplazmatycznego i metabolizm glukozydów w *Arabidopsis thaliana***
Prof. dr hab. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr Kenji Yamada; Uniwersytet Jagielloński, Kraków
72. **Rola metabolitów wtórnych w oddziaływaniach *A. thaliana* z mikroorganizmami endofitycznymi**
Prof. dr hab. Paweł Bednarek, dr hab. Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin ICHB PAN;
Dr Kenji Yamada, dr hab. Piotr Rozpądek; Uniwersytet Jagielloński, Kraków

73. **Rola metabolizmu tryptofanu w stanie spoczynku nasion**
Prof. dr hab. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin ICHB PAN;
Dr hab. Szymon Świeżewski, dr Ruslan Yatusovich; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa
74. **Rdza liściowa żyta. Odpowiedź immunologiczna roślin na poziomie metabolomu**
Dr hab. Anna Piasecka, Mikołaj Małecki; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin
Prof. dr hab. Monika Rakoczy-Trojanowska, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa
75. **Okrzemki epifityczne porastające makroglony słodkowodne jako źródło krzemu przyswajalnego dla roślin**
Dr hab. Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr Katarzyna Pokajewicz; Uniwersytet Opolski;
Dr hab. Beata Messyas; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
76. **Analiza niekodujących RNA w gruczołach przysadki mózgowej**
Dr hab. Monika Piwecka, dr Ewelina Kałużna, Michał Smuszkiewicz, Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Dr n. med. Norbert Wąsik; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
77. **Identyfikacja i analiza bioinformatyczna profilu ekspresji lncRNA w przysadce mózgowej myszy na bazie danych bulk RNA-seq**
Dr hab. Monika Piwecka, Julian Zacharjasz; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Dr hab. Michał Szcześniak; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
78. **Identyfikacja i analiza bioinformatyczna profilu ekspresji lncRNA w przysadce mózgowej myszy na bazie danych z sekwencjonowania metodą długich odczytów (Oxford Nanopore)**
Dr hab. Monika Piwecka, Julian Zacharjasz, Michał Smuszkiewicz; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Dr Bartosz Tarkowski, prof. dr hab. Andrzej Dziembowski; Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie
79. **Identyfikacja kolistych RNA (*circRNA*) i ich związek z komórkami macierzystymi nowotworu**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, dr Dariusz Wawrzyniak, dr Julia Latowska-Łysiak, dr Adriana Grabowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr Konrad Kuczyński; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Dr Sławomir Smół, dr Rafał Piestrzeniewicz, dr Tomasz Blok; Wielospecjalistyczny Szpital Miejski im. J. Strusia z Zakładem Opiekuńczo-Lecznym, Poznań;
Dr hab. Anna Maria Barciszewska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
80. **Identyfikacja niekodujących RNA związanych z chorobami narządu wzroku**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Anna Gotz-Więckowska, lek. med. Olga Wawrzyniak, dr hab. Iwona Rospond-Kubiak; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
81. **Wykorzystanie nanocząstek magnetycznych jako nowych nośników w terapii przeciwnowotworowej**
Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. dr hab. Jan Barciszewski; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr Konrad Kuczyński; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Dr hab. Radosław Mrówczyński; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

82. **Wykorzystanie nanocząstek lipidowych jako nośników dla terapeutycznych kwasów nukleinowych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr hab. Paulina Skupin-Mrugalska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
83. **Badania *in vitro* i *in vivo* nad borofenem w kontekście jego potencjalnych zastosowań biomedycznych**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Elżbieta Czarniewska; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu;
Prof. dr hab. Ewa Mijowska; Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
84. **Badania aktywności biologicznej nowych fluorowanych α -aminofosfonianów**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr hab. Donata Pluskota-Karwatka, Karolina Ciesielska, Jakub Nowicki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
85. **Zastosowanie AI i modeli komórkowych 3D pochodzących od pacjentów w personalizacji terapii raka jajnika i piersi**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Dariusz Wawrzyniak; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Hanna Piotrowska-Kempisty; Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu
86. **Badania kliniczne i molekularne pacjentów polskiej populacji z ataksją mózdzkową o późnym początku (late-onset cerebellar ataxia, LOCA)**
Dr Julia Misiorek; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr hab. Agnieszka Żmieńko, Paulina Poniatowska-Rynkiewicz; Zakład Genomiki Roślin ICHB PAN;
Dr inż. Paweł Świtoński; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki ICHB PAN;
Dr Adam Hirschfeld, dr hab. n. med. Magdalena Badura-Stronka; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Diagnostyka GENESIS w Poznaniu
87. **Psychodeliki jako potencjalne leki przeciw chorobie Alzheimera**
Dr Łukasz Przybył, dr inż. Magdalena Surdyka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Dr Urszula Kozłowska; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
88. **Testy linii komórkowych do hodowli zawieszinowych oraz z wykorzystaniem bioreaktora; Współpraca przy konstrukcji systemu filtracji komórek w systemach bioreaktorowych**
Dr Łukasz Przybył, dr Konrad Kuczyński, dr Marcin Cholewiński, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Dr Monika Tomecka; uFraction8 Sp. z o.o., Poznań
89. **Ocena działania przeciwnowotworowego liposomalnych nanoformulacji kannabidiolu i celekoksylu oraz ich kombinacji w modelu glejaka wielopostaciowego**

- Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
- Prof. dr hab. Violetta Krajka-Kuźniak; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
90. **Testowanie przedkliniczne terapii szczepionkowych oraz komórkowych w mysich modelach**
Dr Łukasz Przybył, dr Konrad Kuczyński, dr Marcin Cholewiński, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Prof. dr hab. Piotr Rieske, dr hab. Ewelina Stoczyńska-Fidelus, dr Łukasz Markiewicz, dr Cezary Tręda; Przedsiębiorstwo Farmaceutyczne LEK-AM Sp. z o.o., Zakroczym
91. **Wpływ nowych inhibitorów IRF na miażdżycę**
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Prof. dr hab. Johannes Bluysen; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
92. **Wpływ salicylanów na rozwój stanu przedrzucawkowego w szczurzym modelu tej choroby.**
Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Prof. dr hab. Joanna Suliburska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
93. **Badania mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku mnogim**
Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Dominik Dytfeld, dr Tadeusz Kubicki; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu;
Dr hab. Małgorzata Jarmuż-Szymczak, dr Kinga Bednarek, dr Magdalena Kostrzewska-Poczekaj; Instytut Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu
94. **Badania molekularnych mechanizmów rozwoju miażdżycy w przewlekłej chorobie nerek**
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Marta Nolka-Szaszner, Raneet Sen; Zakład Proteomiki Biomedycznej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Dorota Formanowicz, prof. dr hab. Bartłomiej Perek; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
95. **Proteomiczne i metabolomiczne profile raka jajnika w kontekście badania poprawy rokowania pacjentek**
Dr hab. Magdalena Łuczak, dr inż. Marta Nolka-Szaszner; Zakład Proteomiki Biomedycznej ICHB PAN;
Dr Mikołaj Zaborowski; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
96. **Celowana analiza proteomiczna w próbkach egzosomów z ludzkiego osocza**
Dr Łukasz Marczak, dr hab. Anna Wojakowska, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;
Prof. dr hab. Monika Pietrowska, Centrum Onkologii – Instytut im. Marii Skłodowskiej Curie Oddział w Gliwicach, Polska
97. **Proteomiczne predyktory przerzutowania w raku jelita grubego – badania walidacyjne**
Dr hab. inż. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, dr Kamil Frąckowiak; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;
Prof. dr hab. Monika Pietrowska, dr hab. Marcin Zeman, dr Ewa Zembala-Nożyńska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach;

- Dr Mykola Chekan; Akademia Śląska, Katowice;
Prof. dr hab. Piotr Widlak; Gdański Uniwersytet Medyczny
98. **Egzosomy jako potencjalny biomarker dla monitorowania i prognozowania odrzucania nerki przeszczepionej**
Dr hab. inż. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;
Dr hab. Justyna Gołębiowska; Gdański Uniwersytet Medyczny;
Prof. dr hab. Monika Pietrowska; Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Gliwicach
99. **Badanie roli jasmonianów w odpowiedzi na stres suszy i niedobór składników odżywczych u jęczmienia**
Dr hab. inż. Anna Wojakowska, dr Łukasz Marczak, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;
Dr Marzena Kurowska; Uniwersytet Śląski w Katowicach
100. **Analizy lipidomiczne na materiale z zawiesin komórek tytoniu BY2 – linii adaptowanych do różnych warunków stresu osmotycznego oraz na liniach kontrolnych**
Dr Łukasz Marczak, dr inż. Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;
Dr hab. Agnieszka Szuba; Instytut Dendrologii PAN w Kórniku
Dr Anna Kasprowicz-Maluśki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
101. **Wieloletnia adaptacja komórek roślinnych do wysokiego zasolenia ujawnia „nową homeostazę” opartą na przeprogramowaniu metabolomu i stabilizacji proteomu**
Dr Łukasz Marczak, dr inż. Aleksander Strugała; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;
Dr hab. Agnieszka Szuba; Instytut Dendrologii PAN w Kórniku;
Dr Anna Kasprowicz-Maluśki; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
102. **Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej w *S. cerevisiae***
Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Angelika Andrzejewska-Romanowska,
dr Julita Gumna-Mikina, dr inż. Paweł Śledziński, Ewa Tykwińska; Zakład Struktury i Funkcji RNA ICHB PAN;
Dr hab. Tomasz Żok; Politechnika Poznańska
103. **Opracowanie nowego podejścia terapeutycznego dla chłoniaków B-komórkowych w oparciu o inhibicję enhancerowego RNA z regionu IGH**
Dr Julita Gumna-Mikina, dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek; Zakład Struktury i Funkcji RNA ICHB PAN;
Dr hab. Agnieszka Dzikiewicz-Krawczyk; Instytut Genetyki Człowieka PAN
104. **Epidemiologia mpox w Poznaniu**
Dr inż. Paweł Zmora; Zakład Wirusologii Molekularnej ICHB PAN;
Prof. dr hab. Arleta Kowala-Piaskowska, dr Błażej Rozpłochowski, dr Szymon Nowak; Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

Współpraca naukowa z partnerami zagranicznymi

1. **Badania strukturalne kompleksów RNA z syntetycznymi ligandami**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, Martyna Mateja-Pluta; Zakład Badań Strukturalnych RNA ICHB PAN;
Prof. Kazuhiko Nakatani; Osaka University, Osaka, Japonia
2. **Badania strukturalne kompleksów RNA-białko istotnych w rozwoju patologii ALS/FTD**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek; Zakład Badań Strukturalnych RNA ICHB PAN;
Prof. Boris Rogelj; Jozef Stefan Institute, Lublana, Słowenia
3. **Analiza krystalograficzna kompleksów RNA-PNA**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, Faizan Faizan; Zakład Badań Strukturalnych RNA ICHB PAN;
Dr. Jae-Hun Kim; Firma OliPass; Giheung Yongin, Gyeonggi, Korea Południowa
4. **Analiza strukturalna endonukleazy z ligandami nukleotydowymi**
Dr hab. Agnieszka Kiliszek, Faizan Faizan; Zakład Badań Strukturalnych RNA ICHB PAN;
Frank Hernandez; Linköping University, Linköping, Szwecja
5. **Badania potencjalnych funkcji biologicznych dwóch izoform rybonukleazy Dicer *Xenopus laevis*, Dicer-L (XlaDcr.L) oraz Dicer-S (XlaDcr.S)**
Dr Agnieszka Szczepańska, dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak; Zakład Biochemii Rybonukleoprotein ICHB PAN;
Prof. Marie-Laure Baudet; University of Trento, Trydent, Włochy
6. **Analiza danych transkryptomicznych myszy SCA7 uzyskanych metodą sekwencjonowania pojedynczych komórek**
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Jamróg; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Luke Bartelt; Duke University, Durham, Stany Zjednoczone;
Prof. Albert La Spada; University of California Irvine, Irvine, Stany Zjednoczone
7. **Analiza trzech modalności epigenetycznych w komórkach mózgu myszy SCA7 z wykorzystaniem innowacyjnej techniki nanoCut&Tag**
Dr Paweł M. Świtoński, Grażyna Jamróg; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Dr. Marek Bartosovic; Stockholm University, Szwecja
8. **Bioinformatyczna analiza danych transkryptomicznych i epigenetycznych w pojedynczej komórce**
Grażyna Jamróg; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Prof. Dr. Fabian Theis, Mariia Minaeva; Helmholtz Monachium, Niemcy
9. **Modelowanie struktur 3D RNA w VI rundzie konkursu RNA-Puzzles**
Dr hab. Maciej Antczak, dr Mariusz Popenda, dr Joanna Sarzyńska,
prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Dr. Zhichao Miao; Guangzhou Medical University, Chiny;
Prof. Eric Westhof; University of Strasbourg, Strasburg, Francja
10. **Opracowanie platformy umożliwiającej lokalną analizę struktur 3D RNA**
Dr Joanna Sarzyńska, dr hab. Maciej Antczak, prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN;
Dr. Simón Poblete; Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

11. Udokładnianie struktur 3D RNA poprzez integrację z platformą DNATCO

Dr hab. Maciej Antczak, dr hab. Agnieszka Rybarczyk, dr Joanna Sarzyńska, prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN; Prof. Bohdan Schneider, dr. Jirii Cerny, dr. Lada Biedermannova, Paulína Božíková, Jakub Svoboda; Institute of Biotechnology of the Czech Academy of Sciences, Vestec, Czechy

12. Opracowanie sztucznego, różnorodnego, nieredundantnego zbioru danych przestrzennych RNA w celu skutecznego treningu modeli uczenia maszynowego

Dr hab. Maciej Antczak, prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN; Clement Bernard, Dr. Guillaume Postic, Prof. Fariza Tah; Université Paris-Saclay, Gif-sur-Yvette, Francja

13. Opracowanie narzędzia przeznaczonego do identyfikacji i klasyfikacji multimerycznych zespołów nukleotydów w strukturach kwasów nukleinowych

Prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN; Dr. Maja Marušič; NMR Slovenian Centre, Lublana, Słowenia

14. Wpływ modyfikacji chemicznych na strukturę i stabilność termodynamiczną RNA

Dr Joanna Sarzyńska; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN; Prof. Ansuman Lahiri, Nivedita Dutta; University of Calcutta, Kalkuta, Indie

15. Opracowanie statystyk parowań niekanonicznych w motywach strukturalnych RNA

Dr Joanna Sarzyńska, dr hab. Agnieszka Rybarczyk, dr hab. Maciej Antczak, prof. PP, prof. dr hab. Marta Szachniuk; Zakład Bioinformatyki Strukturalnej ICHB PAN; Prof. Bohdan Schneider, dr Jirii Cerny, dr Lada Biedermannova, Paulína Božíková, Jakub Svoboda; Czech Academy of Sciences, Praga, Czechy

16. Badania zmienności genetycznej populacji europejskiej w ramach projektu Genome of Europe (GoE)

Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki ICHB PAN; Prof. André Uitterlinden, Erasmus University Medical Center, Rotterdam, Holandia (lider konsorcjum Genome of Europe)

17. U zarania państwowości środkowoeuropejskich na przykładzie Czech i Polski. Dynastie – elity – społeczeństwa (koniec IX–XI wiek)

Prof. dr hab. Marek Figlerowicz, dr Katarzyna Ratajczak, Mariana Alegria, Michał Golubiński; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej ICHB PAN; Dr inż. Małgorzata Marcinkowska-Swojak; Pracownia Genomiki ICHB PAN; Dr. Jan Frolík; Institute of Archeology of the Czech Academy of Sciences, Praga, Czechy; Ivo Světlík; Institute of Physics of the Czech Academy of Sciences, Praga, Czechy; Petr Velemínský, Sylva Kaupova, Zdeněk Vytlačil; National Museum, Praga, Czechy

18. Analiza zachowawczości ewolucyjnej lncRNA

Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA ICHB PAN; Prof. Rory Johnson; University College Dublin, Dublin, Irlandia

19. Identyfikacja lncRNA na poziomie mitochondriów

Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, dr inż. Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA ICHB PAN; Prof. Eleonora Leuci; Katholieke Universiteit, Leuven, Belgia

20. Optymalizacja protokołu CapTrap-CLS

Dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, dr inż. Monika Kwiatkowska; Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA ICHB PAN;

Prof. Roderic Guigó, Dr. Silvia Carbonell-Sala; Center for Genomic Regulation, Barcelona, Hiszpania

21. Badanie oddziaływań i stabilności białek BDPA i BDPB, MLP oraz dysagreginy z różnych gatunków *Borrelia*

Dr hab. Anna Urbanowicz, dr Joanna Śliwiak, Martyna Kordyś; Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN;

Dr. Martin Strnad, Prof. Ryan O.M.Rego, Dr. Zuzanna Vavruskova; Institute of Parasitology in the Biology Centre of the Czech Academy of Sciences, Czechy

22. Badanie oddziaływań międzycząsteczkowych fibryny z fragmentami fibrynogenu: dimerem D i fragmentem D

Dr hab. Anna Urbanowicz; Pracownia Inżynierii i Biofizyki Białek ICHB PAN;

Dr. Volodymyr Chernyshenko, Kateryna Baidakova; Palladin Institute of Biochemistry of National Academy of Sciences of Ukraine, Kijów, Ukraina

23. Poszukiwanie inhibitorów PYCR1

Dr hab. Miłosz Ruszkowski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;

Prof. Guiseppe Forlani; University of Ferrara, Włochy

24. Aspekty topologiczne krystalografii

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;

Dr. Zbigniew Dauter; National Cancer Institute, Lemont, Stany Zjednoczone

25. Nowe procedury walidacji struktur kwasów nukleinowych

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, dr hab. Mirosław Gilski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;

Prof. B. Schneider, Dr. J. Cerny; Institute of Biotechnology, Czech Academy of Sciences, Czechy;

Dr. R. Nicholls; UKRI Science and Technology Facilities Council, Wielka Brytania;

Prof. H. Berman; Rutgers, The State University of New Jersey, USA & University of Southern California, Stany Zjednoczone

Dr. R. Joosten; The Netherlands Cancer Institute, Holandia;

Dr. C.L. Lawson; Lawrence Berkeley National Laboratory, Stany Zjednoczone;

Prof. J. Richardson, Dr. C. Willson; Duke University, Stany Zjednoczone;

Dr. C. Vonrhein; Global Phasing Ltd, Wielka Brytania;

Prof. M. Egli; Vanderbilt University, Stany Zjednoczone

26. Walidacja struktur w PDB

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;

Dr. Alexander Wlodawer, Dr. Zbigniew Dauter; National Cancer Institute, Lemont, Stany Zjednoczone;

Prof. Wlodek Minor; University of Virginia, Charlottesville, Stany Zjednoczone;

Prof. Vitaliy Kurlin; University of Liverpool, Wielka Brytania

27. Enzymologia strukturalna roślin

Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski, dr hab. Miłosz Ruszkowski, dr hab. Mirosław Gilski; Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów ICHB PAN;

Dr. Frederic Marsolais; Agriculture and Agri-Food, London, Ontario, Kanada

- 28. Metody obliczeniowe w projektowaniu potencjalnych związków przeciwbakteryjnych**
Dr hab. Krzysztof Brzeziński; Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych ICHB PAN;
Dr. Ilyas Yildirim; Department of Chemistry and Biochemistry, Florida Atlantic University, Stany Zjednoczone
- 29. Analiza funkcji ciągów CAG w genie *ATN1* związanym z chorobą DRPLA**
Dr hab. Agnieszka Fiszer, Weronika Pawlik, dr Magdalena Jazurek-Ciesiołka; Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN;
Dr. Grzegorz Kudła, Nabid Bhuiyan; University of Edinburgh, Edynburg, Wielka Brytania
- 30. Analiza ekspresji wybranych mRNA i cyrkularnych RNA w próbkach z tkanki mózgowej pacjentów SCA7**
Dr hab. Agnieszka Fiszer, Weronika Pawlik, dr Magdalena Woźna-Wysocka; Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN;
Dr inż. Paweł Świtoński; Zakład Biologii Komórek Nerwowych ICHB PAN;
Luke Bartelt; Duke University Medical Center, Durham, Stany Zjednoczone;
Albert La Spada; University of California, Irvine, Stany Zjednoczone
- 31. Identyfikacja i walidacja nowych celów terapeutycznych - genów biorących udział w procesie neurodegeneracji w chorobie Alzheimera**
Dr hab. Agnieszka Fiszer, dr Natalia Ziojła; Zakład Biotechnologii Medycznej ICHB PAN;
Dr. Katarzyna Goljanek-Whysall, Dr. Leo Quinlan; University of Galway, Galway, Irlandia;
Ali Cakmak, Istanbul Technical University, Turcja;
Roberta Ghidoni, PhD, Molecular Markers Laboratory, IRCCS Istituto Centro San Giovanni di Dio Fatebenefratelli, Brescia, Włochy
- 32. Badania regeneracji *Saccharomyces cerevisiae* poddanych łagodnym stresom abiotycznym z wykorzystaniem wysokorozdzielczej trójwymiarowej tomografii fazowej**
Dr hab. Kamilla Grzywacz, dr hab. Agata Tyczewska; Pracownia Modelowych Organizmów Bezkręgowych ICHB PAN;
Daniel Ghete; University of York, Wielka Brytania
- 33. Badania strukturalne dupleksów RNA zawierających N7-adenozynę oraz LNA N7-adenozynę**
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych ICHB PAN;
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA ICHB PAN;
Prof. dr hab. Zofia Gdaniec, dr Witold Andrałojć; Zakład Molekularnego NMR ICHB PAN;
Prof. Ilyas Yildirim; Florida Atlantic University, Boca Raton, Stany Zjednoczone
- 34. Badania strukturalne dupleksów RNA zawierających N7-guanozynę**
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych ICHB PAN;
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA ICHB PAN;
Prof. dr hab. Zofia Gdaniec, dr Witold Andrałojć; Zakład Molekularnego NMR ICHB PAN;
Prof. Ansuman Lahiri, Dr. Nivedita Dutta; University of Calcutta, Kalkuta, Indie
- 35. Badania z wykorzystaniem peptydowych kwasów nukleinowych (PNA)**
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA;
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukle-inowych ICHB PAN;

Prof. Gang Chen; School of Medicine, The Chinese University of Hong Kong, Shenzhen (CUHK-Shenzhen), Chiny

36. Synteza peptydowych kwasów nukleinowych (PNA)

Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA ICHB PAN;

Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukle-inowych ICHB PAN;

Prof. Peter E. Nielsen; Department of Cellular and Molecular Medicine, University of Copenhagen, Dania

37. Selektywna stabilizacja G-kwadrupleksów DNA

Dr Justyna Gołębiewska, prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów ICHB PAN

Dr. Erik Chorell; Umeå University, Umeå, Szwecja

38. Origami mRNA aktywujące translację *in vivo*

Prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski; Zakład Chemii Biopolimerów ICHB PAN;

Prof. Michael Famulok; University of Bonn, Bonn, Niemcy

39. Badania 5'-(α -P-tio)-trifosforanów deoksynukleozydów

Dr Joanna Romanowska, dr hab. Michał Sobkowski; Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych ICHB PAN;

Dr. Cosimo Ducani; Firma Moligo Technologies AB, Solna, Szwecja

40. Aspekty terapeutycznych DM1 i DM2 oraz charakterystyki nowych biomarkerów tych chorób

Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich ICHB PAN;

Prof. David Brook; University of Nottingham, Nottingham, Wielka Brytania

41. Badania nad identyfikacją nowych biomarkerów DM1 i DM2

Dr. hab. Marzena Wojciechowska; Zakład Chorób Rzadkich ICHB PAN;

Dr. Saam Sedehizadeh; Nottingham University Hospitals NHS, Nottingham, Wielka Brytania

42. Przeprowadzenie analiz ilościowych hormonów roślinnych w nasionach *Medicago*

Dr Sara Blicharz, Krishnapriya Anirudhan; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;

Klára Hoyerová; Institute of Experimental Botany of the Czech Academy of Sciences, Czechy

43. Określenie roli aminokwasów w selektywności transportera AtABCG36

Prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;

Dr. Markus Geisler; University of Fribourg, Fribourg, Szwajcaria

44. Realizacja projektu MAPS (IZ11Z0_230926)

Prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;

Dr. Markus Geisler; University of Fribourg, Fribourg, Szwajcaria;

Prof. Tamás Hegedűs; Semmelweis University, Budapeszt, Węgry

45. Uzyskanie roślin transgenicznych *Medicago truncatula* z luminescencyjnym systemem reporterowym auksyn

Dr Aleksandra Paweła; Pracownia Hodowli Roślin, Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;

Prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;

Michael Karampelias; Institute of Experimental Botany of the Czech Academy of Sciences, Czechy

- 46. Przygotowanie konstrukcji genetycznej umożliwiającej nadekspresję białka błonowego z *Vitis vinifera* w roślinnych układach heterologicznych**
Dr Aleksandra Paweła; Pracownia Hodowli Roślin, Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;
Prof. dr hab. Michał Jasiński; Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin ICHB PAN;
Katsuhiro Shiratake; Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Japonia
- 47. Analiza mutacji w genie MIR142 w próbkach chłoniaka rozlanego z dużych komórek typu B (DLBCL)**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Prof. Dr. med. Wolfram Klapper, Dr. Julia Richter; University Medical Center Schleswig-Holstein, Kilonia, Niemcy
- 48. Analiza RNA próbek chłoniaka rozlanego z dużych komórek typu B (DLBCL)**
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski, Władysław Węgorek; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Maura Berkeley, Zach Herbert; Dana-Farber Cancer Institute, Boston, Stany Zjednoczone
- 49. Analiza roli mutacji w genie MIR142 w liniach komórkowych nowotworów krwi**
Dr Paulina Gałka-Marciniak, prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Dr. Marcin Kortylewski; Comprehensive Cancer Center at the City of Hope, Duarte, Stany Zjednoczone
- 50. Wpływ mikrobiomu na procesy zapalne i odpowiedź immunologiczną**
Dr hab. Anna Philips; Pracownia Bioinformatyki ICHB PAN;
Prof. Tao Zuo; Sun Yat-sen University, Guangzhou, Chiny
- 51. Ultraczułe profilowanie mutacji napędzających nowotworzenie w dziedzicznych zespołach związanych z inaktywacją genów supresorowych**
Marcin Drzewiecki, dr Katarzyna Klonowska, dr inż. Izabela Broniarek; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej ICHB PAN;
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone;
Dr Emily Chu; Hospital of the University of Pennsylvania, Filadelfia, Stany Zjednoczone;
Prof. Neil Rajan; Newcastle University, Newcastle upon Tyne, Wielka Brytania;
Prof. Kuniaki Seyama; Juntendo University, Tokio, Japonia
- 52. Analiza genetyczna częstości występowania zespołu Birt-Hogg-Dubé (BHD) w populacji ogólnej**
Dr inż. Izabela Broniarek, dr Katarzyna Klonowska, Marcin Drzewiecki; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Prof. dr hab. Piotr Kozłowski; Zakład Genetyki Molekularnej
Dr Ireneusz Stolarek, prof. dr hab. Marek Figlerowicz; Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej
Dr hab. Luiza Handschuh; Pracownia Genomiki ICHB PAN;
Dr. David J Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone;
Prof. Neil Rajan; NIHR Newcastle Biomedical Research Centre, Newcastle Hospitals NHS Foundation Trust, Newcastle upon Tyne, Wielka Brytania;
Prof. Kuniaki Seyama; Juntendo University, Tokio, Japonia

- 53. Profilowane mutacje somatycznych w genie *TSC2* w limfangioleiomiomatozie (ang. *lymphangioleiomyomatosis*, LAM)**
Dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
- 54. Analiza mutacji w genie *TSC2* u pacjenta z rakiem tarczycy**
Marcin Drzewiecki, dr inż. Izabela Broniarek, dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Prof. William D. Foulkes; McGill University, Montreal, Kanada
- 55. Analiza fosfoproteomiczna podwyściółkowych gwiaździaków olbrzymiokomórkowych (ang. *subependymal giant cells astrocytomas*, SEGAs) w TSC**
Dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Dr. Joseph Bateman; King's College London, Londyn, Wielka Brytania
- 56. Realizacja zadania w ramach projektu ISIDORE realizowanego przez konsorcjum EU OpenScreen**
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek, Agnieszka Baliga-Gil; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych ICHB PAN;
Prof. Ursula Bilitewski; Helmholtz Centre for Infection Research, Brunszwik, Niemcy
- 57. Badania termodynamiczne i strukturalne modyfikowanych RNA**
Prof. dr hab. Ryszard Kierzek; Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek; Zakład Genomiki Strukturalnej RNA ICHB PAN;
Prof. David H. Mathews; University of Rochester, Rochester, Stany Zjednoczone
- 58. Badanie mechanizmów zaangażowanych w skracanie ciągów CAG w wyniku indukcji dwuniciowych pęknięć DNA przy użyciu Cas12a**
Prof. dr hab. Marta Olejniczak, Dr Magdalena Dąbrowska, Anna Misiukiewicz, dr Yauhen Banduruk; Zakład Inżynierii Genomowej ICHB PAN;
Prof. Jacob Corn; Dr. Sebastian Siegner; Markus S. Schröder, Matthias Muhar, Susanne Kreutzer; Eidgenössische Technische Hochschule Zürich (ETHZ), Szwajcaria
- 59. Poszukiwanie genów/mutacji modyfikujących fenotyp pacjentów z TSC**
Marcin Drzewiecki, dr Katarzyna Klonowska; Zakład Genetyki Nowotworów ICHB PAN;
Dr. David J. Kwiatkowski; Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, Stany Zjednoczone
- 60. Rola kumaryń w oddziaływaniach z endofitycznymi bakteriami i tolerancji na niedobór jonów żelaza w *Arabidopsis thaliana***
Prof. Paweł Bednarek, dr hab. Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Prof. Paul Schulze-Lefert; Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Kolonia, Niemcy
- 61. Udział pochodnych tryptofanu w indukowanej wzorcami molekularnymi odporności na nekrotroficznego grzyba *Botrytis cinerea***
Prof. Paweł Bednarek, dr hab. Anna Piasecka; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin ICHB PAN;
Dr. Simone Ferrari; Sapienza University of Rome, Rzym, Włochy

- 62. Utrata szlaku biosyntezy tiaminy u biotroficznych patogenów grzybowych z rzędu mączniakowców (*Erysiphales*)**
Prof. Paweł Bednarek; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr Mariola Piślewska-Bednarek; Pracownia Hodowli Roślin ICHB PAN;
Prof. Ralph Panstruga; RWTH Aachen University, Akwizgran, Niemcy
- 63. Opracowanie metod do tworzenia różnicowych sieci neuronowych dla danych wielkoskalowych z wieloczynnikowych eksperymentów na przykładzie danych metabolomicznych**
Dr hab. Anna Piasecka, Mikołaj Małecki; Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin ICHB PAN;
Dr hab. Aneta Sawikowska; Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu;
Prof. Carel F.W. Peeters, Dr. Jasper Engel; Wageningen University & Research Centre, Droevendaalsesteeg, Holandia
- 64. Open-ST w przysadce mózgowej myszy**
Dr hab. Monika Piwecka, Mikołaj Małecki; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Prof. Nikolaus Rajewsky, Dr. Nikos Karaikos, Marie Schott; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
- 65. Analizy elektrofizjologiczne i molekularne neuronów po procedurze wyciszania circRNA**
Dr hab. Monika Piwecka, Michał Smuszkiewicz, dr Marta Sztachera; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Prof. Nikolaus Rajewsky, Dr. Cledi Cerda Jara; Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
- 66. Zastosowanie Optical Tweezers do badania interakcji RNA-białko**
Dr hab. Monika Piwecka, dr Weronika Wendlandt-Stanek, dr Marta Sztachera; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Dr. Lukas Pekarek, Dr. Marcus Jahnel; Technische Universität Dresden, Drezno, Niemcy
- 67. Rola białka wiążącego RNA Staufen 2 w regulacji neurogenezy**
Dr hab. Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Dr. Mireya Plass, Dr. Sandra Maria Fernandez-Moya; Bellvitge Institute for Biomedical Research (IDIBELL), Barcelona, Hiszpania
- 68. Regulacja ekspresji genów przez circRNA i miRNA w osi podwzgórze-przysadka mózgowa**
Dr hab. Monika Piwecka; Zakład Niekodujących RNA ICHB PAN;
Dr. Fanny Langlet; University of Lausanne, Lozanna, Szwajcaria;
Dr. Andarnik Ivanov; Berlin Institute of Health, Charite Medical University Berlin, Niemcy
- 69. Opracowanie i charakterystyka nowego modelu badawczego guzów mózgu**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, dr Konrad Kuczyński; Zakład Neuroonkologii Molekularnej ICHB PAN;
Dr. Agnieszka Rybak-Wolf; Berlin Institute for Medical Systems Biology, Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association, Berlin, Niemcy
- 70. Określenie profilu zmian ekspresji genów zaangażowanych w procesy inwazji z wykorzystaniem hybrydowego modelu glejaka**
Dr hab. Katarzyna Rolle, dr Julia Misiorek, dr Julia Misiorek, dr Adriana Grabowska; Zakład Neuroonkologii Molekularnej, Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;
Prof. Stefania Bortoluzzi; University of Padova, Padwa, Włochy

71. Pretrombina-1 jako potencjalny biomarker rozwijających się chorób związanych z krzepliwością krwi

Dr Łukasz Przybył, dr Konrad Kuczyński, dr Marcin Cholewiński, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;

Dr. Volodymyr Chernyshenko; Palladin Institute of Biochemistry, National Academy of Sciences of Ukraine, Kijów, Ukraina

72. Strategie terapeutyczne w przewlekłej chorobie nerek

Dr Łukasz Przybył, dr Konrad Kuczyński, dr Marcin Cholewiński, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;

Dr. Hendrik Bartolomaeus; University Hospital Würzburg, Niemcy

73. Ocena skuteczności terapii synbiotykami w mysim modelu hipercholesterolemii

Dr Łukasz Przybył, Dorota Wronka, Anna Karlik; Pracownia Modelowych Organizmów Ssaczych ICHB PAN;

Dr. Lajos Marko; Prof. Sofia Forslund; Berlin Institute for Medical Systems Biology of the Max Delbrück Center, Berlin, Niemcy

74. Badania mechanizmów nabytej oporności na inhibitory proteasomów w szpiczaku mnogim

Dr hab. Magdalena Łuczak; Zakład Proteomiki Biomedycznej ICHB PAN;

Prof. Arnold Bolomsky; Wilhelminen Cancer Research Institute, Department of Medicine I, Klinik Ottakring, Vienna, Austria;

Lymphoid Malignancies Branch, Center for Cancer Research, National Cancer Institute, National Institutes of Health, Bethesda, MD, 20892, Stany Zjednoczone;

Prof. Heinz Ludwig; Klinik Ottakring, Wiedeń, Austria

75. Celowana analiza proteomiczna w próbkach egzosomów z ludzkiego osocza

Dr Łukasz Marczak, dr hab. Anna Wojakowska, Daniel Fochtman; Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;

Prof. Teresa Whiteside; University of Pittsburgh School of Medicine and UPMC Hillman Cancer Center, Pittsburgh, Pennsylvania, Stany Zjednoczone

76. Oznaczanie poziomu kwasu retinowego w próbkach materiału biologicznego

Dr Łukasz Marczak, dr hab. Anna Wojakowska, Daniel Fochtman, Pracownia Spektrometrii Mas ICHB PAN;

Prof. Anna Dubrovskaya; Faculty of Medicine and University Hospital Carl Gustav Carus; Technische Universität Dresden, Helmholtz-Zentrum Dresden – Rossendorf, Institute of Radiooncology – OncoRay, German Cancer Research Center (DKFZ), Heidelberg, Niemcy

77. Współpraca przy realizacji projektu pt. „Yeast cell factory for mRNA Bioproduction” (Yscript)

Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Julita Gumna-Mikina, dr Angelika Andrzejewska-Romanowska; Zakład Struktury i Funkcji RNA ICHB PAN;

Konsorcjum Yscript, lider Prof. Chantal Pichon; Centre National de la Recherche Scientifique, Francja

78. Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomu

w *S. cerevisiae*

Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, dr Angelika Andrzejewska-Romanowska, dr Julita Gumna-Mikina, dr inż. Paweł Śledziński, Ewa Tykwińska; Zakład Struktury i Funkcji RNA ICHB PAN;

Prof. David J. Garfinkel; University of Georgia, Athens, Stany Zjednoczone

79. Współpraca w ramach COST Action. Spotkania online członków projektu i ustalanie zadań

Dr Ewa Woźniak-Gientka; Zespół Biogospodarki i Zrównoważonego Rozwoju ICHB PAN;

Dr. Olesea Plotnic; Association Henri Capitant of Legal Culture, Kiszyniów, Mołdawia

Spis publikacji

* wg Komunikatu Ministra Nauki z dnia 5 stycznia 2024 r. w sprawie wykazu czasopism naukowych i recenzowanych materiałów z konferencji międzynarodowych wraz z przypisaną liczbą punktów

1.A. Recenzowane artykuły z listy MNiSW indeksowane w Journal Citation Reports

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	5-letni IF	Punkty MNiSW	Q
1	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION A: FOUNDATIONS AND ADVANCES	B. Naskrecki, J. Malinowski, Z. Dauter, M. Jaskolski	Growth functions of periodic space tessellations, 2025, 81, 64-81	2,26	200	2
2	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION A: FOUNDATIONS AND ADVANCES	Z. Dauter, M. Jaskolski	Honeycombs – their variety, topology and symmetry, 2025, 81, 159-166	2,26	200	2
3	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D: STRUCTURAL BIOLOGY	A. Wlodawer, Z. Dauter, P. Rubach, W. Minor, M. Jaskolski , Z. Jiang, W. Jeffcott, O. Anosova, V. Kurlin	Duplicate entries in the Protein Data Bank: how to detect and handle tchem, 2025, 81, 170-180	4,20	100	1
4	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D: STRUCTURAL BIOLOGY	J. Loch, I. Pierog, B. Imiolczyk , J.F. Barciszewski , F. Marsolais, M. Gilski , M. Jaskolski	Unique double-helical packing of protein molecules in the crystal of potassium-independent L-asparaginase from common bean, 2025, 81, 252-264	4,20	100	1
5	ACTA OTORHINOLARYNGOLOGICA ITALICA	M. Buchwald , P. Nogal, J. Nowak , S. Kupinski , W. Andrzejewski , J. Pukacki , J. Jackowska, H. Klimza, C. Mazurek , A. Padermo, C. Piazza, M. Wierzbicka	Standardisation of an AI-based vocal fold assessment tool on a recurrent respiratory papillomatosis model, 2025, 45, 244-251	2,40	100	1
6	ADVANCED INTELLIGENT SYSTEMS	G. Slapnicar, M. Kosiedowski , A. Radziuk , E. Dovgan, T. Hammann, M. Engelhardt, C. Kupitz, C. Campomanes-Alvarez, D. Janczewska, P. Zentel, M. Lustrek	Intelligent Supportive System for People with Profound Intellectual and Multiple Disabilities, 2025, 2400925, 1-19	7,70	20	1
7	AMERICAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	J.C. Gardner, K. Jovanovic, D. Ottaviani, U.S. Melo, J. Jackson, R. Guarascio, K. Ziaka, K-L. Hau, A. Lane, R.L. Taylor, N. Chai, C. Gkertsou, O. Fernando, M. Piwecka , M. Georgiou, S. Mundlos, G.C. Black, A.T. Moore, M. Michaelides, M.E. Cheetham, A. Hardcastle	Inter-chromosomal insertions at Xq27.1 associated with retinal dystrophy induce dysregulation of <i>LINC00632</i> and <i>CDR1as/ciRS-7</i> , 2025, 112, 523-536	9,60	200	1
8	APPLIED SURFACE SCIENCE ADVANCES	M.E. Plonska-Brzezinska, J. Breczko, D. Pawelski, J.C.Z. Gardona, A. Fragoso, K. Brzezinski , A.P. Terzyk	Enhancing hydrophilic properties of spherical C(sp ²)-hybridized carbon nanostructures through the targeted oxidation of their outer layer, 2025, 30, 100906	9,20	20	1

9	BIOCHEMISTRY	T. Platonova, O. Hrabovskyi, V. Chernyshenko, Y. Stohnii, Y. Kucheriavyi, K. Baidakova, D. Korolova, A. Urbanowicz , A. Komisarenko	Alternative Role of B/b Knob–Hole Interactions in the Fibrin Assembly, 2025, 64, 791-800	2,80	100	3
10	BIOCONJUGATE CHEMISTRY	A. Abrahamsson, A. Berner, J. Golebiewska-Pikula , N. Chaudhari, E. Keskitalo, C. Lindgern, M.K. Chmielewski , S. Wanrooij, E. Chorell	Linker Design Principles for the Precision Targeting of Oncogenic G-Quadruplex DNA with G4-Ligand-Conjugated Oligonucleotides, 2025, 36, 724-736	4,50	100	1
11	BIOINFORMATICS	M. Justyna, C. Zirbel, M. Antczak , M. Szachniuk	Graph neural network and diffusion model for modeling RNA interatomic interactions, 2025, 41, btaf515	7,10	200	1
12	BIOINFORMATICS	J. Pielesiak, M. Antczak , M. Szachniuk , T. Zok	RNative to recognize native-like structure in a set of RNA 3D models, 2025, 41, btaf601	7,10	200	1
13	BIOLOGY	K. Breger, I.P. Schowe, N.A. Springer, N.J. O’Leary, A. Ruszkowska , C. Rosende, J.A. Brown	Mutational Analysis Reveals Functional Roles of METTL16 Domains and Residues, 2025, 14, 1145	4,00	100	1
14	BIOMEDICINES	M. Twardawa , P. Formanowicz, D. Formanowicz	The Interplay Between Carotid Intima-Media Thickness and Selected Serum Biomarkers in Various Stages of Chronic Kidney Disease, 2025, 13, 335	4,20	100	1
15	BIOMOLECULES	K. Pokrywka , M. Grzechowiak , J. Sliwiak , P. Worsztynowicz , J.I. Loch, M. Ruszkowski , M. Gilski , M. Jaskolski	Probing the Active Site of Class 3 L-Asparaginase by Mutagenesis: Mutations of the Ser-Lys Tandems of ReAV, 2025, 15, 944	5,60	100	2
16	BIOORGANIC AND MEDICINAL CHEMISTRY LETTERS	C. Roxo , A. Pasternak	Switching off cancer – An overview of G-quadruplex and i-motif functional role in oncogene expression, 2025, 116, 130038	2,40	70	2
17	BIOORGANIC CHEMISTRY	W. Ragin-Oh , D. Czerwonka , L.H. Tran , G. Forlani, M. Ruszkowski	Crystallographic fragment screening reveals new starting points for PYCR1 inhibitor design, 2025, 165, 109024	4,90	100	1
18	BIOORGANIC CHEMISTRY	J. Golebiewska-Pikula , A. Abrahamsson, E. Chorell	Phosphate triester-based multifunctional handles for post-synthetic oligonucleotide functionalization, 2025, 157, 108259	4,90	100	1
19	BIO-PROTOCOL	B. Olifirov, O. Fedchenko, A. Dovgan, D. Babets, V. Krotov, V. Cherkas , P. Belan	Local Iontophoretic Application for Pharmacological Induction of Long-Term Synaptic Depression, 2025, 15, e5338	1,40	20	3
20	BMC MEDICINE	Y. Wu, R. Cheng, H. Lin, L. Li, Y. Jia, A. Philips , T. Zuo, H. Zhang	Gut virome and its implications in the pathogenesis and therapeutics of inflammatory bowel disease, 2025, 23, 183	9,40	200	1
21	BMC PLANT BIOLOGY	K. Kulak, A. Samelak-Czajka , M. Marszalek-Zenczak , K.M. Michalak, M. Trybus , J. Minicka, P. Jackowiak , A. Bagniewska-Zadworna	Identification of phloem-specific proteinaSEOUS structure heterogeneity in sieve element of Populus trichocarpa, 2025, 25, 456	5,40	140	1

22	BMC RESEARCH NOTES	M.J. Esteban-Amo, A. Telleria, D. Gobelli, P. Serrano-Lorenzo, J.J. Telleria, M.T. Perez-Garcia, P. Kozlowski , M.A. de la Fuente, M. Simarro	Identification of a novel transcript of mouse Sdha, 2025, 18, 83	2,00	70	2
23	BRITISH JOURNAL OF PHARMACOLOGY	D. Dorna, A. Grabowska , J. Paluszczak	Natural products modulating epigenetic mechanisms by affecting histone methylation/demethylation: Targeting cancer cells, 2025, 182, 2137-2158	7,30	140	1
24	CANCER IMMUNOLOGY, IMMUNOTHERAPY	N. Szostak , M. Budnik, K. Tomela , L. Handschuh , A. Samelak-Czajka , B. Pietrzak, M. Schmidt, M. Kaczmarek, L. Galus, J. Mackiewicz, A. Mackiewicz, P. Kozlowski , A. Philips	Exploring correlations between gut mycobiome and lymphocytes in melanoma patients undergoing anti-PD- therapy, 2025, 74, 110	5,40	140	1
25	CANCERS	C. Miedziarek, H. Bochynski, K. Bocianska, M. Potograbski, P. Tyburski, M.P. Zaborowski , E. Nowak-Markwitz	Association Between MMR Status and Prognostic Pathological Factors in Endometrioid Endometrial Cancer-A Single-Center Retrospective Study, 2025, 17, 3605	4,80	140	1
26	CANCERS	S. Farsinejad, D. Centeno, J. Savas-Carstens, T. Polotaye, T. Pavlovic, P. Babvey, T. Muranen, C. Miedziarek, P. Jasinski, E. Dziabaszevska, M.P. Zaborowski , P.Y. Lum, L.A. Martin, M.P. Iwanicki	Suppression of Ovarian Cancer Cell Proliferation Is Associated with Upregulation of Cell-Matrix Adhesion Programs and Integrin- β 4-Induced Cell Protection from Cisplatin, 2025, 17, 1472	4,80	140	1
27	CANCERS	S. Szubert, M. Nadolna, P. Wawrzynowicz, A. Horala, J. Kolodziejczyk, L. Koberlink, P. Caputa, M. Zaborowski , E. Nowak-Markwitz	Surgical Techniques for Radical Trachelectomy, 2025, 17, 985	4,80	140	1
28	CARDIOVASCULAR DIABETOLOGY	J. Geers, N. Manral, C. Park, G.F. Tomasino, K. Grodecki, J. Lenell, M. Buchwald , A. Razipour, J. Kwiecinski, H. Matsumoto, M. Marwan, S. Achenbach, D.S. Berman, M.R. Dweck, D.E. Newby, P.J. Slomka, M.C. Williams, D. Dey	AI-quantified epicardial adipose tissue and prediction of future myocardial infarction in patients with cardiometabolic disease: a post-hoc analysis from the SCOT-HEART trial, 2025, 24, 403	10,00	140	1
29	CELL AND BIOSCIENCE	E. Kozlowska , A. Ciolak , G. Adamek , J. Szczesniak , A. Fiszer	HTT loss-of-function contributes to RNA deregulation in developing Huntington's disease neurons, 2025, 15, 100	7,20	100	1
30	CELL REPORTS	M. Sztachera , W. Wendlandt-Stanek , R.A. Serwa, L. Staszek, M. Smuszkiewicz , D. Wronka , M. Piwecka	Interrogation of RNA-bound proteome with XRNAX illuminates molecular alterations in the mouse brain affected with dysmyelination, 2025, 44, 115095	8,10	200	1
31	CELL REPORTS PHYSICAL SCIENCE	K. Liu, R.K. Sriram, M. Rachwalak , W. Yang, A.M. Kietrys	Targeting RNA 2'-hydroxyl groups by bifunctional acylation for functional control and modification, 2025, 6, 102928	8,20	20	1
32	CHEMISTRYSELECT	N. Dutta, I. Deb, J. Sarzynska , A. Lahiri	Structural and Thermodynamic Consequences of Base Pairs Containing Pseudouridine and N1-methylpseudo-uridine in RNA Duplexes, 2025, 10, e202400006	2,00	40	3

33	CHEMMEDCHEM	N. Bartys, A. Pasternak, J. Lisowiec-Wachnicka	Modified Nucleotides in Bifunctional Antisense Oligonucleotides: Exploring their Anticancer Potential, 2025, 20, e202500220	3,40	100	2
34	CHEMTEXTS	M. Jaskolski , B. Naskrecki, Z. Dauter	Periodic arrangements of closely packed spheres, 2025, 11, 2	4,40	20	2
35	COMMUNICATIONS BIOLOGY	J. Bizan, S. Sarkar, A.K. Basak, S. Bera, S. Goto-Yamada, K. Endo, K. Tarnawska-Glatt, R. Batth, K. Bhardwaj, M. Mierzaei, P. Czerniawski, P. Bednarek , K. Yamada	Arabidopsis MYB47 and MYB95 transcription factors regulate jasmonate-inducible ER-body formation, 2025, 8, 1377	5,80	20	1
36	COMPUTERS AND OPERATIONS RESEARCH	X. Liu, X. Chen, V. Chau, J. Musial, J. Blazewicz	Flexible Job Shop Scheduling Problem using graph neural networks and reinforcement learning, 2025, 182, 107139	4,90	140	1
37	COMPUTERS IN BIOLOGY AND MEDICINE	B. Szawulak, M. Radom , P. Formanowicz	Comparison by partition - Finding Petri nets similarity on the basis of subnets, 2025, 187, 109775	6,50	100	1
38	CONCURRENCY AND COMPUTATION-PRACTICE & EXPERIENCE	M. Lawenda, K. Khloponin, K. Samborski , L. Szustak	Profiling and Optimization of Multicard GPU Machine Learning Jobs, 2025, 37, e70196	1,40	100	3
39	CURRENT OPINION IN GREEN AND SUSTAINABLE CHEMISTRY	T. Twardowski	Legal and social aspects of biotechnology: Toward a circular bioeconomy, 2025, 55, 101041	9,70	70	1
40	DISCRETE APPLIED MATHEMATICS	W.D. Li, Y.R. Yang, M. Xiao, X. Chen, M. Sterna, J. Blazewicz	Scheduling with a discounted profit criterion on identical machines, 2025, 367, 195-209	1,10	70	3
41	DIVERSITY-BASEL	M. Lawenda, P. Wolniewicz	IT Challenges in Designing and Implementing Online Natural History Collection Systems, 2025, 17, 388	2,30	70	2
42	DIVERSITY-BASEL	B. Jackowiak, M. Lawenda	How Does Sharing Data from Research Institutions on Global Biodiversity Information Facility Enhance Its Scientific Value?, 2025, 17, 221	2,30	70	2
43	EJNMMI RESEARCH	K. Slusarz, M. Buchwald, A. Szczeszek, S. Kupinski , A. Gramek-Jedwabna, W. Andrzejewski, J. Pukacki, R. Pekal , M. Ruchala, R. Czepczynski, C. Mazurek	AI may help to predict thyroid nodule malignancy based on radiomics features from [18F]FDG PET/CT, 2025, 15, 39	2,90	100	1
44	ENGINEERING APPLICATIONS OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE	A.A. Rynkiewicz, R. Palma , P. Formanowicz	Universal entity linking, 2025, 161, 112185	7,70	140	1
45	ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY	A. Szuba, W.B. Zukowska, J. Mucha, A. Strugala, L. Marczak	Low Temperature Enhances N-Metabolism in <i>Paxillus involutus</i> Mycelia in Vitro: Evidence From an Untargeted Metabolomic Study, 2025, 27, e70162	4,8	140	2
46	EUROPEAN JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY	M.K. Tiwari, M. Kucinska, A. Zgola-Grzeskowiak, M. Raeispour, M. Murias, P. Grellier, L. Marczak , T. Goslinski	Design, synthesis and <i>in vitro</i> assessment of <i>di-/tri</i> -methoxy-aryl-substituted mono-spiro-1,2,4,5-	6,40	140	1

			tetraoxanes for antiplasmodial and anticancer use, 2025, 300, 118259			
47	EUROPEAN JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY	K. Ciesielska, D. Wawrzyniak , G. Dutkiewicz, M. Kubicki, W. Jankowski, M. Hoffmann, K. Kamel , K. Rolle , D. Pluskota-Karwatka	Diastereoselective synthesis and biological evaluation of new fluorine-containing α -aminophosphonates as anticancer agents and scaffold to human urokinase plasminogen activator inhibitors, 2025, 283, 117116	6,40	140	1
48	EXPERIMENTAL CELL RESEARCH	M. Wegrzyn, M. Adamiec-Organisciok, A. Dawicka, D. Fochtman , S. Galecki, N. Magate, K. Bartel, D. Gendosz de Carrillo, E. Witek-Zelazny, M. Skonieczna	Understanding variability in cell death modes and sensitivity: Potential implications for targeted cancer therapies, 2025, 451, 114688	3,50	100	2
49	FEBS JOURNAL	K. Pokrywka , M. Grzechowiak , J. Sliwiak , P. Worsztynowicz , J.I. Loch, M. Ruszkowski , M. Gilski , M. Jaskolski	Controlling enzyme activity by mutagenesis and metal exchange to obtain crystal structures of stable substrate complexes of Class 3 L-asparaginase, 2025, 292, 1159-1173	5,60	100	1
50	FEBS OPEN BIO	K. Wojcik , P. Krzeminska , A. Kurzynska-Kokorniak	Possible role of human ribonuclease dicer in the regulation of R loops, 2025, 15, 1406-1418	2,40	70	3
51	FEMS YEAST RESEARCH	K. Grzywacz , A. Tyczewska	tDR-quant: a reliable electroporation-based approach for quantifying tRNA-derived fragments binding to ribosomes, 2025, 25, foaf051	2,60	100	3
52	FEMS YEAST RESEARCH	A. Tyczewska , K. Grzywacz	Stress-induced ribosomal heterogeneity in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : from protein paralogs to regulatory noncoding RNAs, 2025, 25, foaf050	2,60	100	3
53	FRONTIERS IN CELL AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY	A. Dutta , A. Samelak-Czajka , M. Trybus , M. Osuch , A. Zaremba , P. Jackowiak	Identification and characterization of planarian multinucleated cells in <i>Schmidtea mediterranea</i> using imaging flow cytometry, 2025, 13, 1611516	5,20	100	1
54	FRONTIERS IN ONCOLOGY	M. Wolanska, M. Sieczczynski, K. Pastuszak, A. Samelak-Czajka , P. Jackowiak , N. Bednarz-Knoll, S. Lapinska-Szumczyk, D. Klasa-Mazurkiewicz, A.J. Zaczek, A. Supernat	Case Report: Blood single-cell analysis of a IVB high-grade serous ovarian cancer patient presenting a favorable prognosis, 2025, 15, 1697863	3,80	100	2
55	FRONTIERS IN PHARMACOLOGY	A. Antonczyk, K. Kluzek, N. Herbich, M.E. Boroujeni, B. Krist, D. Wronka , A. Karlik , L. Przybyl , A. Plewinski, J. Wesoly, H.A.R. Bluysen	Identification of ALEKSIN as a novel multi-IRF inhibitor of IRF- and STAT-mediated transcription in vascular inflammation and atherosclerosis, 2025, 15, 1471182	5,20	100	1
56	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	H.L. Tran , M. Ruszkowski	ARR1 and AHP interactions in the multi-step phosphorelay system, 2025, 16, 1537021	5,70	100	1
57	FRONTIERS IN PLANT SCIENCE	D. Perlikowski, K. Lechowicz, S. Blicharz , M. Jelonek-Arasimowicz, A. Czapiewska, I. Pawlowicz, A. Kosmala	Nitric oxide regulates photosynthesis and the capacity of the antioxidant system under water deficit and rehydration in <i>Lolium multiflorum</i> / <i>Festuca arundinacea</i> introgression forms, 2025, 16, 1652482	5,30	100	1

58	FUNGAL GENETICS AND BIOLOGY	P.J. Pietras , M. Chaszczewska-Markowska, D. Ghete, A. Tyczewska , K. Grzywacz	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> recovery from various mild abiotic stresses: Viability, fitness, and high resolution three-dimensional morphology imaging, 2025, 178, 103975	3,00	100	3
59	FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS – THE INTERNATIONAL JOURNAL OF ESCIENCE	M. Lawenda , L. Szustak, L. Kornyei	Prediction model of performance-energy trade-off for CFD codes on AMD-based cluster, 2025,169, 107810	6,00	140	1
60	GENES & DISEASES	A. Dutta , A Zaremba , P. Jackowiak	Ribonucleases in Mendelian disease: Characterization and insight from model organisms, 2025, 12, 101613	8,70	140	1
61	GENETICS IN MEDICINE	K. Klonowska , J. Lee, M. Drzewiecki , J.M. Grevelink, B. Boeszormenyi, P. Kozlowski , J. Hanna, A.C. Laga, D.J. Kwiatkowski	TSC angiofibroma and ungual fibroma have different mutation signatures, with recurrent mutations in KMT2C, 2025, 27, 101538	7,30	200	1
62	GENOMICS	A. Zaremba , M. Marszałek-Zenczak , A. Dutta , A. Samelak-Czajka , P. Jackowiak	A modular pipeline for evidence-integrated genome annotation across species: A case study on <i>Schmidtea mediterranea</i> , 2025, 117, 111104	3,30	100	2
63	GUT	R.P. Su, W.J. Wen, Y.F. Jin, Z.R. Cao, Z.Y. Feng, J. Chen, Y. Lu, G.C. Zhou, C. Dong, S.S. Gao, X. Li, H. Zhang, K. Chao, P. Lan, X.J. Wu, A. Philips , K. Li, X. Gao, F. Zhang, T. Zuo	Dietary whey protein protects against Crohn's disease by orchestrating cross-kingdom interaction between the gut phageome and bacteriome, 2025, 74, 1246-1260	25,40	200	1
64	GUT MICROBES	N. Szostak , P. Kozlowski , T. Zuo, A. Philips	The role of gut mycobiome in responses to cancer immunotherapy, 2025, 17, 2571433	13,40	100	1
65	HUMAN GENETICS	A. Srinivasan , D. Magner , P. Kozlowski , A. Philips , A. Kajdasz , P. Wojciechowski , M. Wojciechowska	Global dysregulation of circular RNAs in frontal cortex and whole blood from DM1 and DM2, 2025, 144, 417-432	4,50	100	2
66	INTERNATIONAL JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTER SCIENCE	S. Swat, M. Antczak , T. Zok, J. Blazewicz , J. Musiał	Exact Algorithms for the Satellite Image Selection Problem, 2025, 35, 293-309	1,20	100	2
67	INTERNATIONAL JOURNAL OF ENVIRONMENTAL RESEARCH	N. Makowska-Zawierucha , M. Wozzak, J.C. Yde, K. Zawierucha	Diversity and Abundance of Antimicrobial Resistance Determinants in Culturable Bacteria of Glacier Mice and Proglacial Lake Ecosystems at Austerdalsbreen, Norway, 2025, 19, 25	3,30	40	2
68	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J.J. Rybczynski, L. Marczak , K. Skorkowska-Telichowska, M. Stobiecki, J. Szopa, A. Mikula	Cell Suspension of the Tree Fern <i>Cyathea smithii</i> (J.D. Hooker) and Its Metabolic Potential During Cell Growth: Preliminary Studies, 2025, 26, 11683	5,70	140	1
69	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	A. Srinivasan , E. Mroczo-Mlotek , M. Wojciechowska	Circular RNA Formation and Degradation Are Not Directed by Universal Pathways, 2025, 26, 726	5,70	140	1

70	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	I. Petracci, S. Bellini, K. Goljanek-Whysall, L.R. Quinlan, A. Fiszer , A. Cakmak, C.M. Njume, B. Barroni, R. Ghidoni	Exploring the Role of microRNAs as Blood Biomarkers in Alzheimer's Disease and Frontotemporal Dementia, 2025, 26, 3399	5,70	140	1
71	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	J. Kujawski, B. Drabinska, K. Dettlaff, M. Skotnicki, A. Olszewska, T. Ratajczak, M. Napierala, M.K. Chmielewski , M. Kasprzak, R. Kujawski, A. Gostynska-Stawna, M. Stawny	Structural and Spectroscopic Properties of Magnolol and Honokiol-Experimental and Theoretical Studies, 2025, 26, 6085	5,70	140	1
72	ISCIENCE	B. Sabelleck, M. Freh, M. Lammertz, J. Browatzki, A-M. Vllaho, M. Pislewska-Bednarek, P. Bednarek , R. Panstruga	Thiamine is a vitamin for plant-pathogenic powdery mildew fungi, 2025, 28, 1131123	4,70	20	1
73	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	O. Wawrzyniak, D. Wawrzyniak, M. Smuszkiewicz, P. Glodowicz , A. Gotz-Wieckowska, K. Rolle	Exploring microRNA signatures in pediatric non-infectious uveitis: meta-analysis and molecular profiling of patient samples, 2025, 66, 579-600	2,00	140	3
74	JOURNAL OF APPLIED GENETICS	A.S. Hirschfeld, J.O. Misiorek, M. Dabrowska , J. Muszynski, B.J. Gerhart, M. Zenczak, M. Rakoczy, K. Rolle, P.M. Switonski , J.S. Napierala, L. Handschuh , M. Napierala, M. Badura-Stronka	Spinocerebellar ataxia 27B (SCA27B)-a systematic review and a case report of a Polish family, 2025, 66, 895-902	2,00	140	3
75	JOURNAL OF BIOINFORMATICS AND COMPUTATIONAL BIOLOGY	M. Twardawa , K. Gutowska, P. Formanowicz	Exploring relationship between hypercholesterolemia and instability of atherosclerotic plaque – An approach based on a matrix population model, 2025, 22, 2450029	0,80	40	4
76	JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY	I. Ulanowska, R. Kierzek, E. Kierzek, M. Soszynska-Jozwiak	Structural architecture of the human long non-coding RNA-PAAN as a potential target for anti-influenza drug development, 2025, 301, 110755	4,30	100	2
77	JOURNAL OF EXPERIMENTAL AND CLINICAL CANCER RESEARCH	I. Gorodetska, V. Lukiyanichuk, M. Gawin, M. Sliusar, A. Linge, F. Lohaus, T. Holscher, K. Erdmann, S. Fuessel, A. Borkowetz, A. Wojakowska, D. Fochtman , M. Reardon, A. Choudhury, Y. Antonelli, A. Leal-Egana, A.S. Koseer, U. Kahya, J. Puschel, A. Petzold, D. Klusa, C. Peitzsch, R. Kronstein-Wiedemann, T. Tonn, L. Marczak , C. Thomas, P. Widlak, M. Pietrowska, M. Krause, A. Dubrowska	Blood-based detection of MMP11 as a marker of prostate cancer progression regulated by the ALDH1A1-TGF- β 1 signaling mechanism, 2025, 44, 105	12,20	140	1
78	JOURNAL OF LIGHTWAVE TECHNOLOGY	P. Krehlik, K. Turza , L. Sliwczynski, K. Lewandowska	Improving Accuracy of Optical Frequency Transfer Over Non-Modified DWDM Optical Networks, 2025, 43, 10447-10455	4,70	140	1
79	JOURNAL OF MEDICAL SCIENCE	C. Miedziarek, M. Markwitz, M. Potograbski, M.P. Zaborowski	Indications and timing for genetic testing in ovarian cancer, 2025, 94, 113-126	1,60	20	2
80	JOURNAL OF MEDICINAL CHEMISTRY	J. Lisowiec-Wachnicka, K. Zielinska, A. Pasternak	Highly Specific Inhibition of <i>c-Myc</i> Oncogene Expression through Shifting the G-Quadruplex toward a Triplex Structure, 2025, 68, 24424-24435	7,20	200	1

81	JOURNAL OF PLANT PROTECTION RESEARCH	E. Czembor, A. Tratwal, J. Pukacki, M. Krystek , J.H. Czembor	Managing fungal pathogens of field crops in sustainable agriculture and AgroVariety internet application as a case study, 2025, 65, 1-26	1,30	100	3
82	JOURNAL OF STRUCTURAL BIOLOGY	S. Dorawa, K. Biniek-Antosiak, M. Bejger , A-K. Kaczorowska, K. Ciuchcinski, A. Godlewska, M. Plotka, G.O. Hreggyvidsson, L. Dziewit, T. Kaczorowski, W. Rypniewski	Crystal structure, enzymatic and thermodynamic properties of the Thermus thermophilus phage Tt72 lytic endopeptidase with unique structural signatures of thermal adaptation, 2025, 217, 108230	2,70	100	2
83	JOURNAL OF TRANSLATIONAL MEDICINE	D. Kania, D. Fochtman , L. Skoczylas, M. Gawin, L. Marczak , A. Kurczyk, K. Fidyk, A. Perkowska-Ptasinska, E. Chmielnik, A. Debska-Slizien, J. Golebiewska, A. Wojakowska , M. Pietrowska	Biopsy proteome-based classification of T cell-mediated kidney allograft rejection, 2025, 23, 1139	7,00	100	1
84	KINASES AND PHOSPHATASES	A. Wlodawer, P. Rubach, Z. Dauter, W. Dec, W. Minor, D. Brzezinski, M. Jaskolski	A Critical Look at the Crystal Structures of cAMP-Dependent Protein Kinases, 2025, 3, 19	4,40	0	2
85	LETTERS IN ORGANIC CHEMISTRY	P. Michalowski, D. Jakubczyk , K. Bielicka-Daszekiewicz	Optimisation of Synthesis and Effects of Chemical Conditions on Antithyroid Drugs in Model Organiodine Systems, 2025, 22, 753-763	0,80	20	4
86	METABOLITES	D. Pietkiewicz, M. Zaborowski , S. Plewa, M. Potograbski, C. Miedziarek, T. Kluz, E. Nowak-Markwitz, J. Matysiak	Targeted Metabolomic Serum Analysis of Patients with High and Low Risk of Endometrial Cancer Recurrence and Positive and Negative Lymph Node Status, 2025, 15, 422	4,10	100	2
87	MOLECULAR ONCOLOGY	J. Latowska-Lysiak, Z. Zarebska , M.P. Sajek, A. Grabowska , A. Buratin, P. Glodowicz, J.O. Misiorek , K. Kuczynski, S. Bartoluzzi, M. Zywicki, J.G. Kosinski, A. Rybak-Wolf, R. Przestrzeniewicz, A.M. Barciszewska, K. Rolle	Transcriptome-wide analysis of circRNA and RBP profiles and their molecular relevance for GBM, 2025, 2270-2291	5,70	140	1
88	MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS	M. Surdyka, Z. Kalinowska-Poska , A. Niewiadomska-Cimnicka, E. Jesion, A. Fiszer , E. Singer-Mikosch, L. Fievet, L. Przybyl , N.S. Caron, M.R. Hayden, H.P. Nguyen, Y. Trottier, M. Figiel	CAG-targeted brain-permeable therapy tested in biallelic humanized polyQ mouse models, 2025, 36, 102496	6,30	140	1
89	MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS	M. Wojciechowska, P. Kozlowski	Implications of circular transcripts in DM1 pathomechanism, 2025, 36, 102661	6,30	140	1
90	MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS	K. Maziec, A. Baliga-Gil, E. Kierzek	Delivery strategies for RNA-targeting therapeutic nucleic acids and RNA-based vaccines against respiratory RNA viruses: IAV, SARS-CoV-2, RSV, 2025, 36, 102572	6,30	140	1
91	MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS	T. Laskowski, M. Kosno, W. Andralojc , J. Pakula, R. Stojalowski, J. Borzyszkowska-Bukowska, E. Paluszkiwicz, Z. Mazerska	The interactions of Pu22 G-quadruplex, derived from c-MYC promoter sequence, with antitumor acridine derivatives—An NMR/MD combined study, 2025, 36, 102513	6,30	140	1

92	MOLECULES	A. Chyzy, P. Gnatowski, E. Pilat, M. Sienkiewicz, K. Wozniak, M. Wojnicka, K. Brzezinski , M.E. Plonska-Brzezinska	Formation and Characterization of Xylitol-Modified Glycidyl Methacrylate-co-Ethyl Methacrylate Matrices for Controlled Release of Antimicrobial Compounds, 2025, 30, 3083	5,00	140	2
93	NATURE	M. Pittaluga, Y.S. Lo, A. Brzosko, R.I. Woodward, D. Scalcon, M.S. Winnel, T. Roger, J.F. Dynes, K.A. Owen, S. Suarez, P. Rydlichowski , D. Vicinanza, G. Roberts, A.J. Shields	Long-distance coherent quantum communications in deployed telecom networks, 2025, 640, 911-917	55,00	200	1
94	NATURE COMMUNICATIONS	J. Xia, A. Siffert, O. Torres, F. Iacobini, J. Banasiak, K. Pakula , J. Ziegler, S. Rosahl, N. Ferro, M. Jasinski , T. Hegedus, M.M. Geisler	A key residue of the extracellular gate provides quality control contributing to ABCG substrate specificity, 2025, 16, 4177	17,20	200	1
95	NATURE COMMUNICATIONS	E. Molokanova, T. Zhou, P. Vasupal, V. Cherkas , P. Narute, M.S.A. Ferraz, M. Reiss, A. Almenar-Queralt, G. Chaladaipoulou, J.S. de Souza, H. Hemati, F. Downey, O.O. Olajide, C.T. Perez, F. Puppo, P. Mesci, S.L. Pfaff, D. Kireev, A.R. Muorti, A. Savchenko	Non-genetic neuromodulation with graphene optoelectronic actuators for disease models, stem cell maturation, and biohybrid robotics, 2025, 16, 7499	17,20	200	1
96	NATURE METHODS	F. Bu, Y. Adam, R.W. Adamiak, M. Antczak , B.R.H. de Aquino, N.G. Badepally, R.T. Batey, E.F. Baulin, P. Boinski, M.J. Boniecki, J.M. Bujnicki, K.A. Carpenter, J. Chacon, A-J Chen, W. Chiu, P. Cordero, N.K. Das, R. Das, W.K. Dawson, F. DiMaio, F. Ding, A-C. Dock-Bregeon, N.V. Dokholyan, R.O. Dror ..., M. Popena , L. Popena, ..., J. Sarzynska , ..., M. Szachniuk , ..., E. Westhof, Z. Miao	RNA-Puzzles Round V: blind predictions of 23 RNA structures, 2025, 22, 399-411	51,70	200	1
97	NATURE PLANTS	P.J. Seear, H.J.A. Dowling, M. Szymanska-Lejman , W. Dziegielewski, S. Debilio, F.C.H. Franklin, K.D. Corbett, O.R. Davies, P.A. Ziolkowski, J.D. Higgins	SCEP3 initiates synapsis and implements crossover interference in <i>Arabidopsis</i> , 2025, 11, 2531-2547	17,00	200	1
98	NAVAL RESEARCH LOGISTICS	Y.W. Sang, J.Q. Wang, M. Sterna, J. Blazewicz	Single machine scheduling with the total weighted late work and rejection cost, 2025, 72, 260-274	2,50	70	3
99	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	I. Yildirim, W. Andralojc , A. Taghavi, D. Baranowski, Z. Gdaniec, R. Kierzek, E. Kierzek	Experimental and computational investigations of RNA duplexes containing N7-regioisomers of adenosine and LNA-adenosine, 2025, 53, gkae1222	16,80	200	1
100	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	J.M. Mudge, S. Carbonell_Sala, M. Diekhans, J.G. Martinez, T. Hunt, I. Jungreis, J.E. Loveland, C. Arnan, I. Barnes, R. Bennet, ..., B. Uszczynska-Ratajczak , ..., A. Frankish	GENCODE 2025: reference gene annotation for human and mouse, 2025, 53, D966-D975	16,80	200	1
101	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	M. Mateja-Pluta, L. Blaszczyk, M. Bejger , K. Nakatani, A. Kiliszek	Naphthyridine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and exhibits a molecular glue characteristics in crystal lattice formation, 2025, 53, gkaf924	16,80	200	1

102	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, D. Kuznicki, N. Szostak, A. Tire, P.M. Nawrocka-Muszynska, K. Chojnacka, M. Suszynska, K. Klonowska, K. Czubak, M. Machowska, A. Philips, K. Maksin, L. Susok, M. Sand, J. Rys, J. Jura, M. Ratajska, H. Dams-Kozłowska, J. Kowalewski, M.A. Lewandowska, P. Kozłowski	Whole-miRNome sequencing: a panel for the targeted sequencing of all human miRNA genes, 2025, 53, gkaf812	16,80	200	1
103	OPEN LIFE SCIENCES	D. Lorent, R. Nowak, M. Gazecka, P. Zmora, E. Lenartowicz Onyekaa	The effect of the PKR inhibitor, 2-aminopurine, on the replication of influenza A virus, and segment 8 mRNA splicing, 2025, 20, 20251098	1,90	40	3
104	OPTICS EXPRESS	L. Sliwczynski, P. Krehlik, L. Buczek, H. Schnatz, J. Kronjager, K. Turza , A. Binczewski	Interoperability in optical frequency transfer fiber optic links, 2025, 33, 32087-32098	3,50	140	2
105	OPTICS EXPRESS	K. Turza , P. Krehlik, L. Sliwczynski	Modelling frequency transfer quality in telecommunication DWDM networks, 2025, 33, 36943-36959	3,50	140	1
106	PEERJ	M. Kawalilo, J. Lalak-Kanczugowska , Z. Dutkiewicz, M. Urbaniak, D. Popiel, K. Czyz, G. Koczyk	Rational deployment of molecular markers for the benzenediol lactones and related compounds biosynthesis in filamentous fungi, 2025, 13, e20472	2,70	100	2
107	PHARMACEUTICALS	M. Jozkowiak, D. Wawrzyniak , A. Kawczynska, P. Skupin-Mrugalska, M. Czajkowski, P. Mozdziak, M. Podralska, M. Zywicki, B. Kempisty, R.Z. Spaczynski, H. Piotrowska-Kempisty	The Effect of Liposomal DMU-212 on the Differentiation of Human Ovarian Granulosa Cells in a Primary 3D Culture Model, 2025, 18, 1460	4,90	100	1
108	PLANT COMMUNICATIONS	J.A. Lopez-Raez, J. Banasiak , M. Becana, S. Goormatchig, L. Lanfranco, E. Larrainzar, B. Lefebvre, C. Veneault-Foirrey, F. Frugier	Molecular mechanisms modulating beneficial plant root–microbe interactions: What’s common?, 2025, 101592	11,80	20	1
109	PLANT JOURNAL	T. Jamruszka, J. Banasiak, A. Pawela, K. Jarzyniak , J. Xia, W. Biala-Leonhard , L. Plackova, T. Tsering, F.R. Iacobini, O. Novak, M.M. Geisler, M. Jasinski	MtABCG40 is a cytokinin transporter that limits lateral root density and nodule formation in <i>Medicago truncatula</i> , 2025, 124, e70622	7,00	140	1
110	PLANT MOLECULAR BIOLOGY REPORTER	P. Kumar, A. Alok, K. Kaur, M. Gawłowska, S. Tiwari, H. Singh, W.K. Swiecicki, P. Awasthi	Genome-Wide Identification of WRKY Transcription Factors in Pea (<i>Pisum sativum</i> L.) and their Response to Sulfur and Water Stress, 2025, 43, 674-687	1,80	70	3
111	PLANT PHYSIOLOGY	W. Biala-Leonhard , A. Bigos, J. Brezovsky, M. Jasinski	Message hidden in α -helices–toward a better understanding of plant ABCG transporters’ multispecificity, 2025, 198, kiaf146	7,70	140	1
112	PLANT PHYSIOLOGY	Z. Lu, W. Witek, M. Ruszkowski, B. Imiolczyk , N. Paulish, J. Joshi, M. Jaskolski , F. Marsolais	Benzoic and salicylic acids inhibit β -substituted alanine synthase 4;1 in common bean, 2025, 199, kiaf485	7,70	100	1
113	PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY	M. Zurkowski, M. Marusic, D. Gudanis-Sobocinska, M. Szachniuk	Detecting polynucleotide motifs: Pentads, hexads, and beyond, 2025, 21, e1013633	4,30	140	1

114	PLOS COMPUTATIONAL BIOLOGY	S. Poblete, M. Mlynarczyk, M. Szachniuk	Unknotting RNA: A method to resolve computational artifacts, 2025, 21, e1012843	4,30	140	1
115	PLOS ONE	O. Ludwiczak, M. Antczak, M. Szachniuk	Assessing interface accuracy in macromolecular complexes, 2025, 20, e0319917	3,20	100	1
116	PLOS ONE	J. Suliburska, R.S. Cholik, M. Karazniewicz-Lada, D. Wronka, A. Karlik , A. Waskiewicz, K. Skrypnik, P. Kolodziejcki, A. Cieslak, L. Przybyl	Impact of dietary salicylates on angiogenic factors and biochemical parameters in a rat model of preeclampsia, 2025, 20, e0333543	3,20	100	2
117	PLOS ONE	K. Mularski, D. Makalowski, M. Okonek, D. Glebowska, M. Swiercz, K. Kamel, J. Blazewicz, M. Antczak, A. Swiercz	ProProtein: A platform for fully automated identification of 3D structure fluctuations in MD simulation trajectories, 2025, 20, e0329314	3,20	100	2
118	PLOS ONE	M. Nalewaj, J. Sliwiak, K. Zielinska, P. Zmora , D. Niedzialek, G. Wieczorek, E. Kierzek, M. Szabat	The interaction of RNA G-quadruplexes from the influenza A virus vRNA with TMPyP4 and BRACO-19 ligands, 2025, 20, e0335975	3,20	100	2
119	PRAEHISTORISCHE ZEITSCHRIFT	B. Mnich, K. Szostek, O. Nowak, J. Rodzinska-Nowak, M.M. Przybyla, M. Marcinkowska-Swojak , M. Nowak	One place, many worlds - nutrition strategies of human groups inhabiting the site 3 in Miechów (southern Poland) since the Neolithic until the Iron Age, 2025, 100, 789-830	0,70	200	1
120	PRECISION CLINICAL MEDICINE	Z.Y. Feng, E. Burgemeister, A. Philips , T. Zuo, W. Wen	The gut virome in association with the bacteriome in gastrointestinal diseases and beyond: roles, mechanisms, and clinical applications, 2025, 8, pba010	4,40	20	1
121	RNA	M. Angelo, Y. Bhargava, E. Kierzek, R. Kierzek , R.L. Hayes, W. Zhang, J.Z. Vilseck, S.T. Aoki	Accurate in silico predictions of modified RNA interactions to a prototypical RNA-binding protein with λ -dynamics, 2025, 31, 1460-1471	4,70	140	1
122	RNA	O. Mizrahi, M. Corley, O. Feldman, T. Frohling, L. Sun, A. Ziesel, M. Antczak , M. Bernetti, S.I. Elhajjajy, W. Huang, G.G. Nguyen, S.S. Park, R.I.Perez Martell, L. Trinity, K. Xu, T. Zok, G. Bussi, H. Jabbari, Y. Orenstein, S. Aviran, M.M. Meyer, G.W. Yeo	Evaluation of novel computational methods to identify RNA-binding protein footprints from structural data, 2025, 31, 1103-1124	4,70	140	1
123	RNA	A. Jarmolowicz, N. Dutta, W. Andralojc, J. Sarzynska, G. Framski, D. Baranowski, J. Boryski , A. Lahiri, Z. Gdaniec, E. Kierzek, R. Kierzek	The oligonucleotides containing N7-regioisomer of guanosine. Influence on thermodynamic properties and structure of RNA duplexes, 2025, 31, 86–99	4,70	140	2
124	RNA	N. Bartys, J. Lisowiec-Wachnicka, A. Pasternak	Thermodynamic control of mismatch discrimination for extensive splicing regulation of PKM pre-mRNA, 2025, 31, 475-485	4,70	140	2
125	SCIENTIFIC DATA	M. Behnke, W. Krzyzaniak, J. Nowak, S. Kupinski , P. Chwilkowska, S.J. Bialek, M. Kloskowski, P. Maciejewski, K. Szymanski, D. Lakens, K. Petrova, J.P. Jamieson, J.J. Gross	The competitive esports physiological, affective, and video dataset, 2025, 12, 56	8,70	140	1

126	SCIENTIFIC REPORTS	A. Andrzejewska-Romanowska, E. Tykwinska, P. Sledzinski, K. Pachulska-Wieczorek	A comparative analysis of mRNA enrichment strategies and guidance for improving their efficiency, 2025, 15, 17890	4,30	140	1
127	SCIENTIFIC REPORTS	H. Swierczynski, J. Pukacki, S. Szczesny, C. Mazurek, R. Wasilewicz	Application of machine learning techniques in GlaucomAI system for glaucoma diagnosis and collaborative research suport, 2025, 15, 7940	4,30	140	1
128	SCIENTIFIC REPORTS	J. Badura, A. Rybarczyk , T. Zok	Comprehensive datasets for RNA design, machine learning, and beyond, 2025, 15, 21417	4,30	140	1
129	SCIENTIFIC REPORTS	O.M. Sarikaya, M. Kuzay, E. Demirel, S.P. Melgaard, J.E. Nielsen, R.L. Jensen, A. Oleksiak, W. Szeliga	Energy efficiency enhancement in two European data centers through CFD modeling, 2025, 15, 24952	4,30	140	1
130	SCIENTIFIC REPORTS	T. Laskowski, F. Anaszewicz, J. Borzyszkowska-Bukowska, J. Pakula, M. Michalowska, J. Bublewska, D. Gudanis-Sobocinska , K. Kozłowska-Tylingo, P. Szczęblewski	Isolation, structure revision and stereochemistry of trichomycins A and B, aromatic analogues of amphotericin B, 2025, 15, 44862	4,30	140	1
131	SCIENTIFIC REPORTS	K. Stachowiak, M. Zabizsak, A. Teubert , R. Jastrzab	Potentiometric and spectroscopic characterization of uridine and its derivatives complexes, 2025, 15, 33510	4,30	140	1
132	SCIENTIFIC REPORTS	K. Jaskot, A. Mielcarek, L. Popenda, A. Kertmen, B.F. Grzeskowiak, J. Barciszewski , P.M. Perrigue	Species-selective activation of a β -galactosidase fluorogenic probe, 2025, 15, 23657	4,30	140	1
133	SCIENTIFIC REPORTS	W. Kotkowiak, N. Bartys, A. Pasternak	Towards improved anticancer properties of the G-quadruplex-forming T40231 aptamer through increased flexibility of nucleoside residues, 2025, 15, 25159	4,30	140	1
134	SEMANTIC WEB	R. Palma, B. Janiak , L.M. de Sousa, K. Schleidt, T. Reznik, F. van Egmond, J. Leenaars, D. Moshou, A.M. Maouazen, P. Wilson, D. Medyckyj-Scott, A. Ritchie, Y. Yigini, R. Vargas	GloSIS: The Global Soil Information System Web Ontology, 2025, 16, 22104968251363767	3,00	100	2
135	STAR PROTOCOLS	M. Sztachera, W. Wendlandt-Stanek, M. Piwecka	Protocol for mouse brain tissue processing and downstream analysis of circRNA-protein interactions in vivo, 2025, 6, 104036	1,70	20	4
136	SYMMETRY	T. Madry , J. Gajewy, M. Kwit	Dynamic Point-to-Helical and Point-to-Axial Chirality Transmission and Induction of Optical Activity in Multichromophoric Systems: Basic Principles and Relevant Applications in Chirality Sensing, 2025, 17, 293	2,10	70	2
137	SYNLETT	Y.S.L. Choo, J.L. Kolanowski , J.V. Milic, F.M. Fung	The Retrosynthesis Mindset: A Problem-Solving Tool, 2025, 36, 714-718	1,60	70	3
138	WILEY INTERDISCIPLINARY REVIEWS-RNA	K. Grzywacz, A. Rzepczak, K. Plawgo, D. Sobanska, A. Tyczewska	tRNA-Derived Fragments in Age-Related Diseases: A Systematic Review, 2025, 16, e70013	7,10	140	1
139	HYDROBIOLOGIA	D. Edelist, A. Canepa-Oneto, J. Azzopardi, A. Ballesteros, J. Bellido, F. Boero, C. Bordehore, A. Deidun, E.S. Fonfria, A. Gauci, J.M. Gili,	Citizen science-based jellyfish observation initiatives in the Mediterranean Sea, 2025, 825, 5313-5332	2,60	10	1

		S.K.M. Gueroun, T. Guy-Haim, Z. Kuplik, V. Leoni, T. Kogovsek, M. Marambio, A. Mangin, T. Moranduzzo, I.D. Ozturk, B. Ozturk, R. Palma , S. Piraino, E. Robertson, I. Savva, M.S. Tankovic, L. Souviron-Priego, V. Tirelli, A. Troullier, V. Venus, S. Zampardi, D.L. Angel				
140	FUTURE GENERATION COMPUTER SYSTEMS- THE INTERNATIONAL JOURNAL OF ESCIENCE	R. Minon, J. Lopez-de-Armentia, L. Bonilla, A. Brazaola, I. Lana, M.C. Palacios, S. Mueller, M. Blaszcak , H. Zeiner, J. Tschuden, M.Y. Quadri, I. Garcia-Mila, A. Bartoli, N. Gormolla, A. Fernandez, P. Segarra, J.A. Sanchidrian, P. Hartlieb	A multi-level IIOT platform for boosting mines digitalization, 2025, 163, 107501	6,00	140	1

1.B. Recenzowane artykuły w czasopismach z listy MNiSW nieindeksowane w Journal Citation Reports

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MNiSW
1	BIOTECHNOLOGIA	M. Rakoczy, J. Podkowinski, M. Figlerowicz	Overexpression of UGPase and SPP genes in Nicotiana tabacum leaves causes accelerated plant development and increased biomass, 2025, 106, 31-48	70
2	BIOTECHNOLOGIA	E. Wozniak-Gientka	Integration of bioeconomy within regional policy frameworks: a case study of the Wielkopolska Voivodeship, 2025, 106, 195-208	70
3	INFORMATYKA, AUTOMATYKA, POMIARY W GOSPODARCE I OCHRONIE ŚRODOWISKA	P. Dziurzanski, K. Kabala, A. Konrad	A stochastic interval algebra for smart factory processes, 2025, 15, 33-38	20
4	INFORMATYKA, AUTOMATYKA, POMIARY W GOSPODARCE I OCHRONIE ŚRODOWISKA	K. Kubala, P. Dziurzanski, A. Konrad	Development of a reinforcement learning-based adaptive scheduling algorithm for commercial smart kitchens, 2025, 117-122	20
5	TASK QUATERLY	M. Ciznicki , M.Maj	EuroHPC Joint Undertaking resources for Polish researcher, 2025, 29(1)	20

1.C. Nierecenzowane artykuły konferencyjne w wydaniach specjalnych czasopism naukowych

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	5-letni IF	Punkty MNiSW
1	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	N. Koralewska , E. Corradi, M.C. Milewski , L. Masante, A. Szczepanska, R. Kierzek, M. Figlerowicz , M.-L. Baudet, A. Kurzynska-Kokorniak	New strategy for precursor-selective miRNA silencing using short 2'-O-Me/LNA oligomers, 2025, 71 (S2), 134	–	70
2	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	G. Jamrog , L. Bartelt, B. Nowak, Z. Czarny, K. Lewinska, A. Samelak-Czajka, M. Trybus, P. Jackowiak , A. La Spada, P.M. Switonski	Transcriptional and nuclear pathology underlying Purkinje cell dysfunction in spinocerebellar ataxia type 7, 2025, 71 (S2), 49	–	70
3	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	A. Dutta, A. Samelak-Czajka, M. Trybus, M. Osuch, A. Zaremba, P. Jackowiak	Identification and profiling of planarian multinucleated cells using imaging flow cytometry, 2025, 71 (S2), 69	–	70

4	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	A. Zaremba, M. Marszalek-Zenczak, A. Dutta, A. Samelak-Czajka, P. Jackowiak	Studying ELAC2 knockdown effects in regenerating Schmidtea mediterranea via single-cell transcriptomics, 2025, 71 (S2), 108	–	70
5	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	P. Poniatowska-Rynkiewicz , P. Wojciechowski, M. Rodriguez, A. Samelak-Czajka , W. Makalowski, A. Zmienko	Exploring the role of transposable elements in the epigenetic regulation of nodulation in Medicago truncatula, 2025, 71 (S2), 113	–	70
6	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	K. Wojcik, K. Kuczynski, A. Samelak-Czajka, M. Trybus, P. Jackowiak, A. Kurzynska-Kokorniak	Subcellular distribution of human ribonuclease Dicer and its truncated variant Dicer1e, 2025, 71 (S2), 108	–	70
7	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	W. Nowaczyk, A. Barszcz, N. Rozwadowska, Z. Warkocki	Is there a connection between retrogenes, retrotransposons and spermatogenesis?, 2025, 71 (S2), 105	–	70
8	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	M.P. Zaborowski , C. Pin-Kuang Lai, A. Sammarco, B. Gyorgy, X. Zhang, K. Lee, Y. Jeong Na, L. Ceppi, M. Iwanicki, L. Ciecierski , C. Miedziarek, M. Potograbski, R. Weissleder, M. J. Birrer, H. Lee, B. A. Tannous, X. O. Breakefield	Detection of extracellular cancer-derived circRNAs, 2025, 71 (S2), 12	–	70
9	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	W. Wegorek , J. Richter, A. Tire, P. Galka-Marciniak, K. Klonowska, D. Kuznicki, M. Marcinkowska-Swojak , W. Klapper, M. Giefing, P. Kozłowski	The Landscape of MIR142 Mutations in Diffuse Large B-Cell Lymphoma: From Genetic Insights to Clinical Implications, 2025, 71, 173	–	70
10	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	N. Szostak, L. Handschuh, A. Samelak-Czajka, K. Tomela, M. Schmidt , L. Pruss, K. Milanowska-Zabel, P. Kozłowski, A. Philips	Host factors shaping the human gut mycobiota, 2025, 71 (S2), 159	–	70
11	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	M. Michalczyk, A. Kajdasz, A. Philips	Microbial composition of urban air: seasonal variation and pathogenic potential, 2025, 71, 173	–	70
12	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	A. Tire, M. Machowska, A. Andrzejewska-Romanowska, K. Pachulska-Wieczorek, D. Kuznicki , M. Szczesniak, P. Galka-Marciniak, P. Kozłowski	Cancer mutations turn key miRNAs into broken regulators, 2025, 71, 172	–	70
13	ADVANCES IN BIOCHEMISTRY	M. Suszynska, T. Kocamanoglu, D. Kuznicki, M. Dabrowska , M. Ratajska, A. Mostowska, P.P. Jagodzinski, P. Kozłowski	Hypermethylation of the BRCA1 promoter increases the risk of ovarian cancer: insights from high-resolution profiling of homologous recombination genes, 2025, 71, 173	–	70
14	AMERICAN JOURNAL OF BIOLOGICAL ANTHROPOLOGY	J.E. Erkens, C. Gagnon, A. Jasinska , N. Freimer, J.P. Grobler, T. Turner, C. Schmitt	Evidence of differential selection on CCR5 in African green monkeys (Chlorocebus sabaeus), a natural host of SIV, following transplantation to the Caribbean, 2025, 186, 48, S79	2,0	20
15	BRAIN AND SPINE	A.M. Barciszewska, A. Belter, J.F. Barciszewski, M. Giel-Pietraszuk, M. Naskret-Barciszewska	Epigenetic drug repurposing for glioblastoma treatment, 2025, 5, 104927	2,6	–
16	CEUR WORKSHOP PROCEEDINGS	A.A. Rynkiewicz, R. Palma, P. Poniatowska-Rynkiewicz	Introd using FELA - Flexible Entity Linking Approach, 2025, 3996, 3-10	0,9	0

17	EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	D. Kuznicki, M. Suszynska, P. Galka-Marciniak, W. Wegorek, T. Kocamanoglu, P. Kozlowski	Consequences of BCL2 promoter/5'UTR mutations in lymphoid malignancies, 2025, 33 (S1), 1–2	4,8	100
18	EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	P. Galka-Marciniak, M.O. Urbanek-Trzeciak, D. Kuznicki, N. Szostak, A. Tire, P.M. Nawrocka-Muszynska, K. Chojnacka, M. Suszynska, K. Klonowska, K. Czubak, M. Machowska, A. Philips, K. Maksin, L. Susok, M. Sand, J. Rys, J. Jura, M. Ratajska, H. Dams-Kozłowska, J. Kowalewski, M.A. Lewandowska, P. Kozlowski	Identification of cancer somatic mutations in miRNA genes. Abstracts from the 58th European Society of Human Genetics (ESHG) Conference, 2025, 202533 (S1), 1–2	4,8	100
19	EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	L. Handschuh, M. Marcinkowska-Swojak, P. Wojciechowski, I. Stolarek, N. Koralewska, L. Budzko, M. Rakoczy, M. Zenczak, P. Lukasiak, A. Swiercz, J. Blazewicz, M. Figlerowicz	Genomic Map of Poland - Building a Reference National Database for Genetic Diversity, 2025, 33, 1127	4,8	100
20	EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	M. Marcinkowska-Swojak, P. Wojciechowski, J. Blazewicz, M. Figlerowicz, L. Handschuh	Whole Genome Sequencing-based Identification of a Novel Frameshift Mutation in the STK11 Gene in Peutz-Jeghers Syndrome, 2025, 33, 914	4,8	100
21	EUROPEAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	M. Suszynska, T. Kocamnoglu, D. Kuznicki, J. Dabrowska, M. Ratajska, A. Mostowska, P.P. Jagodzinski, P. Kozlowski	Aberrant DNA methylation of BRCA1 and RAD51C in ovarian tumors and blood of cancer patients, 2025, 33 (S1), 1–2	4,8	100
22	FEBS OPEN BIO	P. Malecki, P. Borysiuk	KDM4 inhibitor design for cancer therapy: a structure-based approach, 2025, 15, S2, 54	2,4	70
23	FEBS OPEN BIO	H.L. Tran, M. Ruszkowski	Structural basis of AHP1 and ARR1 interaction in cytokinin signalling, 2025, 15, S2, 139	2,4	70
24	FEBS OPEN BIO	M. Grzechowiak, K. Pokrywka, P. Worsztynowicz, J. Sliwiak, J. Loch, M. Ruszkowski, M. Gilski, M. Jaskolski	Structural and functional characterization of selected Class 3 asparaginases found in pathogenic fungi, 2025, S2, 145	2,4	70
25	FEBS OPEN BIO	M. Dekaliuk	Ultra-sensitive multiplexed detection of protein cancer biomarkers with signal amplification strategy, 2025, 14, S2, 413	2,4	70
26	INTERNATIONAL JOURNAL OF GYNECOLOGICAL CANCER	M. Nadolna, M.P. Zaborowski, P. Tyburski, M. Szczygiel, L. Ciecierski	Relationship Between Amino Acid Transporters and Endometrial Cancer Subtypes, 2025, 35, S1, 496	4,6	70
27	NEURO-ONCOLOGY	A. Barciszewska, A. Belter, M. Giel-Pietraszuk, L. Bartkowski, M.Z. Naskret-Barciszewska	Epigenetic influence of cannabinoids in glioblastoma, 2025, 27, S3, 168	16,0	140

1.D. Recenzowane artykuły w innych czasopismach naukowych

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MNiSW
1	BIOTECHNOLOGIA	T. Twardowski	Expectations and limitations of biotechnology in the perspective of 2050. Editorial, 2025, 106, 3-4	70
2	FRONTIERS IN CHEMISTRY	M. Gilski , M.R. Maurya, B. Nocek, K. Brzezinski	Editorial: The influence of metal ions and their complexes on the function and structure of biological macromolecules, 2025, 13, 1563537	100
3	FRONTIERS IN COATINGS, DYES AND INTERFACE ENGINEERING	S. Ostrowska, M. Szukowska, S. Kim, Y. Kim, D. Wawrzyniak , R. Mrowczynski	Doxorubicin and sorafenib release from mesoporous silica nanoparticles coated with polydopamine – influence of mechanical and chemical stimuli on the process, 2025, 3	5
4	JOURNAL OF IMAGING INFORMATICS IN MEDICINE	M. Wrzosek, M. Buchwald , P. Czernik, S. Kupinski , K. Zatorska, A. Jasinska, D. Zakrzewski, J. Pukacki , C. Mazurek , R. Pekal	Diagnosing Severe Low-Gradient vs Moderate Aortic Stenosis with Artificial Intelligence Based on Echocardiography Images, 2025	–
5	LANCET MICROBE	Z. Huang, Y. Liu, A. Philips , F. Zhang, T. Zuo	Varied prevalence and asymptomatic carriage of <i>Cryptococcus gattii</i> in the gut of Chinese populations, 2025, 6, 101086	20
6	NEUROPSYCHOPHARMACOLOGY	A. Olcay	Circular RNAs as a novel player in synaptic transmission and neuropsychiatric disorders, 2025, 50, 1195-1196	140
7	TRENDS IN BIOCHEMICAL SCIENCES	L. Budzko , A. Mierzwa , M. Figlerowicz	AID/APOBEC: an expanding repertoire of targets and functions, 2025, 50, 642-645	200

1.E. Recenzowane artykuły konferencyjne z listy MNiSW

L.p.	Nazwa czasopisma	Autor/Autorzy	Tytuł, rok, tom, strony / nr artykułu	Punkty MNiSW
1	HAWAII INTERNATIONAL CONFERENCE ON SYSTEM SCIENCES 2025	C. Mazurek , M. Buchwald , M. Polczyńska-Bletsos, A. Paderno	Introduction to the HICSS-58 Artificial Intelligence in Medicine: Infrastructures for Deep Learning, Generative Algorithms, and Intelligent Agents, 2025, 3216-3217	140
2	INTERNATIONAL CONFERENCE ON COMPUTATIONAL SCIENCE 2025	B. Bosak , P. Kopta , M. Kulczewski , T. Piontek	mUQSA – An Online Service for Uncertainty Quantification and Sensitivity Analysis, 2025, 15911, 57-70	140
3	INTERNATIONAL CONFERENCE ON COMPUTATIONAL SCIENCE 2025	K. Halbiniak, K. Rojek, R. Wyrzykowski, P. Gepner, N. Meyer	Influence of Mixed Precision on Performance and Accuracy of DNN Training for AI-Accelerated CFD Simulations on NVIDIA Multi-GPU System, 2025, 15907, 142-157	140

4	INTERNATIONAL WORKSHOP ON METAOS FOR THE CLOUD- EDGE- IOT CONTINUUM 2025	J. Garcia, X. Masip-Bruin, A. Giannopoulos, P. Trakadas, S.A.C. Ordoñez, J. Samanta, A.L. Suárez-Cetrulo, R.S. Carbajo, M. Michalke, A. Jukan, A. Jaworski, M. Kotlinski , G. Giammatteo, F. D'Andria	ICOS: An Intelligent MetaOS for the Continuum, 2025, 53-59	-
5	PARALLEL PROCESSING AND APPLIED MATHEMATICS, 15TH INTERNATIONAL CONFERENCE, PPAM 2024	T. Pecyna, D. Siera, B. Bosak	QCG-QuantumLauncher: A Modular Tool for Quantum Scenarios, 2024 September 8–11.	20
6	PARALLEL PROCESSING AND APPLIED MATHEMATICS, 15TH INTERNATIONAL CONFERENCE, PPAM 2024	M. Kulczewski, B. Bosak, P. Kopta, W. Szeliga, T. Piontek	Fostering Uncertainty Quantification in Global Challenges with mUQSA Toolkit, 2025, 15581, 35-46	20
7	PARALLEL PROCESSING AND APPLIED MATHEMATICS, 15TH INTERNATIONAL CONFERENCE, PPAM 2024	M. Lawenda , K. Samborski, K. Khloponin, L. Szustak	Efficient Allocation of Image Recognition and LLM Tasks on Multi-GPU System, 2025, 15581, 63-78	20
8	PARALLEL PROCESSING AND APPLIED MATHEMATICS, 15TH INTERNATIONAL CONFERENCE, PPAM 2024	M. Slysz, P. Rydlichowski, K. Kurowski	Feasibility Study of a Hybrid Quantum-Classical Setup for Multiple GPUs and Two Photonic Quantum Computers, 2025, 15580, 338-350	20

2.A. Rozdziały w monografiach lub podręcznikach akademickich

L.p.	Wydawca monografii	Autor/Autorzy	Tytuł rozdziału, tytuł monografii	Rok, tom, strony
1	HUMANA, NEW YORK	M. Antczak, M. Szachniuk	Toward Increasing the Credibility of RNA Design [w:] RNA Desing. Methods in Molecular Biology (red. A. Churkin, D. Barash)	2025, 2847, 137-151
2	HUMANA, NEW YORK	J. Badura, T. Zok, A. Rybarczyk	Datasets for Benchmarking RNA Design Algorithms [w:] RNA Desing. Methods in Molecular Biology (red. A. Churkin, D. Barash)	2025, 2847, 229-240
3	MUZEUM ARCHEOLOGICZNE W POZNANIU	L. Handschuh, I. Stolarek, M. Zenczak, M. Marcinkowska-Swojak, M. Figlerowicz	Co mówią geny o społeczeństwie wczesnego państwa Piastów? [w:] Bolesław Chrobry z Poznania po władzę i koronę (red. A. Stempin)	2025, 2, 66-73
4	SPIE – THE INTERNATIONAL SOCIETY FOR OPTICS AND PHOTONICS	M. Buchwald , A. Shanbhag, R.J.H. Miller, W.H. Zhang, A. M. Michalowska, A. Killekar, M. Lemley, P.B. Kavanagh, H. Fujito, J.X. Liang, V. Builoff, S. Knight, A.J. Einstein, E.J. Miller, A. Feher, A.J. Sinusas, P. Chareonthaitawee,	Deep Learning-Enabled, Computed Tomography-Based Race- and Sex-Specific Epicardial Adipose Tissue Thresholds for Cardiovascular Risk Stratification [w:] Proceedings Volume Medical Imaging 2025: Clinical and Biomedical Imaging	2025, 1341011

		R.P. Bullock-Palmer, M.F. Di Carli, D.S. Berman, D. Dey, P.J. Slomka	
5	SPRINGER	A. Szczepanska, K. Wojcik, A. Kurzynska-Kokorniak	RNase III Enzymes and Their Accessory Domains [w:] Molecular Evolution of RNA Regulatory Enzymes and Their Systems, Nucleic Acids and Molecular Biology (red. A. Kanai, A. W. Nicholson) 2025, 38, 161–201
6	SPRINGER	A. Jaworski, M. Kotlinski, I. Zrazinska, X. Masip-Bruin, J. Garcia, I. Esfandiyar	Towards a Functional Continuum Operating System - ICOS MetaOS [w:] Global Internet of Things and Edge Computing Summit. GIECS 2024 (red. M. Presser, A. Skarmeta, S. Kroco, V. Gonzales) 2025, 2328, 119-133
7	SPRINGER, SINGAPORE	A. Srinivasan, M. Wojciechowska	Formation of Circular RNAs [w:] ADVANCES IN CIRCULAR RNAs. Advances in Experimental Medicine and Biology (red. J. Xiao) 2025, 1485, 99-115

2.B. Redakcja monografii lub podręcznika akademickiego

Wydawca monografii	Redaktorzy	Tytuł, rok, tom, strony
SPRINGER	J. Barciszewski (red.)	Decoding Aging and Neurodegeneration: The Role of Nucleic Acid, 2025, 16, 1-403

3. Artykuły popularnonaukowe:

- J. Strzelec, M.K. Chmielewski**
Opracowanie wielkoskalowej syntezy DNA/RNA z wykorzystaniem chemicznych kotwic
ZAGADNIENIA AKTUALNIE PORUSZANE PRZEZ MŁODYCH NAUKOWCÓW 24, 2025, 22-28
- M. Figlerowicz**
Społeczeństwo państwa Piastów – historia odczytana z DNA
ACADEMIA. MAGAZYN POLSKIEJ AKADEMII NAUK 2025, 1(81), 41-45

Załącznik 1. Skład Rady Naukowej kadencji 2023–2026

Przewodniczący Rady Naukowej:	prof. dr hab. Marek Figlerowicz
Zastępcy Przewodniczącego:	dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN prof. dr hab. Adam Szewczyk, Instytut Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego PAN, Warszawa
Sekretarz:	dr Joanna Banasiak

Członkowie z ICHB PAN

Dr Joanna Banasiak <i>przedstawicielka adiunktów</i>	Prof. dr hab. Ryszard Kierzek
Prof. dr hab. Jan Barciszewski	Prof. dr hab. Piotr Kozłowski
Prof. dr hab. Paweł Bednarek	Dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB
Prof. dr hab. Jacek Błazewicz <i>członek rzeczywisty PAN</i>	Dr hab. inż. Krzysztof Kurowski
Dr hab. Mariola Dutkiewicz, prof. ICHB	Prof. dr hab. Andrzej B. Legocki <i>członek rzeczywisty PAN</i>
Mgr inż. Marcin Drzewiecki <i>przedstawiciel doktorantów</i>	Dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB
Prof. dr hab. Maciej Figiel	Dr Julia Misiorek <i>przedstawicielka adiunktów</i>
Prof. dr hab. Marek Figlerowicz <i>członek korespondent PAN</i>	Prof. dr hab. Marta Olejniczak
Dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB	Dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB
Dr hab. Kamilla Grzywacz, prof. ICHB	Prof. dr hab. Anna Pasternak
Dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB	Dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB
Dr hab. Paulina Jackowiak, prof. ICHB	Dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB
Prof. dr hab. Michał Jasiński	Dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB
Prof. dr hab. Mariusz Jaskólski <i>członek rzeczywisty PAN</i>	Prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk
Prof. dr hab. Elżbieta Kierzek	Prof. dr hab. Jan Węglarz <i>członek rzeczywisty PAN</i>
	Prof. dr hab. Eliza Wysoko

Członkowie zewnątrzni

Prof. dr hab. Ewa Bartnik
Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Agnieszka Chacińska
członek korespondent PAN
Międzynarodowy Instytut Mechanizmów
i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Maria Anna Ciemerych-
-Litwinienko
Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii,
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Agnieszka Dobrzyń
członek korespondent PAN
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. Marcelego Nenckiego PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Józef Dulak
Uniwersytet Jagielloński w Krakowie,
Wydział Biochemii

Prof. dr hab. Tomasz Gośliński
Uniwersytet Medyczny w Poznaniu,
Wydział Farmaceutyczny

Prof. dr hab. Jadwiga Jaruzelska
Instytut Genetyki Człowieka PAN, Poznań

Prof. dr hab. Jacek Jemielity
Uniwersytet Warszawski,
Centrum Nowych Technologii

Prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka
członek korespondent PAN
Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Dr hab. Magdalena Konarska, prof. UW
członek korespondent PAN
Międzynarodowy Instytut Mechanizmów
i Maszyn Molekularnych PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Izabela Makałowska
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
Wydział Biologii

Prof. dr hab. Piotr Młynarz
Politechnika Wrocławska, Wydział Chemii

Prof. dr hab. Barbara Nawrot
Centrum Badań Molekularnych
i Makromolekularnych PAN, Łódź

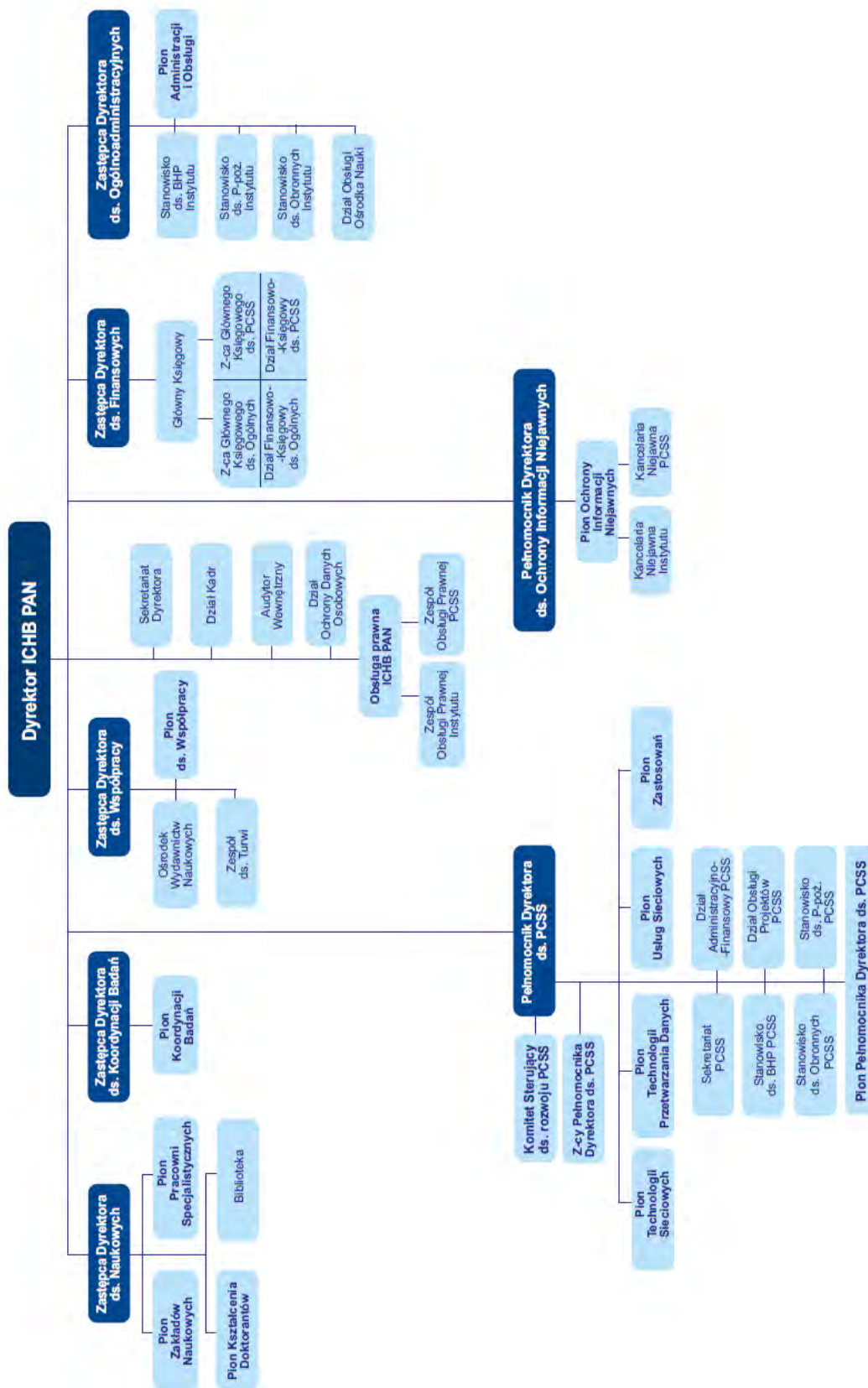
Prof. dr hab. Adam Szewczyk
Instytut Biologii Doświadczalnej
im. M. Nenckiego PAN, Warszawa

Dr hab. Szymon Świeżewski, prof. IBB PAN
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Prof. dr hab. Joanna Wietrzyk
Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej
im. Ludwika Hirszfelda PAN, Wrocław

Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Załącznik 2. Schemat organizacyjny ICHB PAN (2025)



Załącznik 3. Struktura organizacyjna zakładów naukowych ICHB PAN (2025)

Nazwa zakładu	Kierownik	Typ Zakładu
Zakład Bioinformatyki Strukturalnej	prof. dr hab. Marta Szachniuk	ZW
Zakład Bioinżynierii Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Anna Pasternak	ZW
Zakład Biologii Molekularnej i Systemowej	prof. dr hab. Marek Figlerowicz	ZW
Zakład Chemii Komponentów Kwasów Nukleinowych	dr hab. Michał Sobkowski, prof. ICHB PAN	ZW
Zakład Fizjologii Molekularnej Roślin	prof. dr hab. Michał Jasiński	ZW
Zakład Genetyki Molekularnej	prof. dr hab. Piotr Kozłowski	ZW
Zakład Genomiki Strukturalnej RNA	prof. dr hab. Elżbieta Kierzek	ZW
Zakład Inżynierii Genomowej	prof. dr hab. Marta Olejniczak	ZW
Zakład Metabolomiki Funkcjonalnej Roślin	prof. dr hab. Paweł Bednarek	ZW
Zakład Biochemii Rybonukleoprotein	dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Biologii Strukturalnej Eukariontów	dr hab. Miłosz Ruszkowski, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Biotechnologii Medycznej	dr hab. Agnieszka Fiszer, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Chemii Biopolimerów	prof. dr hab. Marcin K. Chmielewski	ZZ
Zakład Neuroonkologii Molekularnej	dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Proteomiki Biomedycznej	dr hab. Magdalena Łuczak, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Struktury i Funkcji RNA	dr hab. Katarzyna Pachulska-Wieczorek, prof. ICHB PAN	ZZ
Zakład Badań Strukturalnych RNA	dr hab. Agnieszka Kiliszek, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Komórek Nerwowych	dr inż. Paweł Świtoński	ZML
Zakład Biologii Obliczeniowej Niekodującego RNA	dr hab. Barbara Uszczyńska-Ratajczak, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biologii Strukturalnej Organizmów Prokariotycznych	dr hab. Krzysztof Brzeziński, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Biomolekularnego NMR	dr Witold Andrałojć	ZML
Zakład Chorób Rzadkich	dr hab. Marzena Wojciechowska, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Genetyki Nowotworów	dr Katarzyna Klonowska	ZML
Zakład Genomiki Roślin	dr hab. Agnieszka Żmienko, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Niekodujących RNA	dr hab. Monika Piwecka, prof. ICHB PAN	ZML
Zakład Wirusologii Molekularnej	dr inż. Paweł Zmora	ZML
Zakład Biologii Medycznej	prof. dr hab. Mirosława Naskręt-Barciszewska	ZS
Zakład Chemii i Biologii Strukturalnej Kwasów Nukleinowych	prof. dr hab. Ryszard Kierzek	ZS

ZW – zakłady wiodące; ZZ – zakłady zaawansowane; ZML – zakłady młodych liderów;
ZS – zakłady senioralne

Załącznik 4. Seminaria Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN

Prowadzenie: dr inż. Paweł Zmora

Data	Prezentujący	Temat
13.01.2025	dr hab. Anna Kurzyńska-Kokorniak, prof. ICHB PAN	ATP hydrolysis activity of human ribonuclease Dicer
10.02.2025	mgr Weronika Pawlik	Exploring the genetic and functional implications of CAG repeat instability
17.02.2025	Sen Raneet	Effects of CKD uremic serum on endothelial cells
24.02.2025	dr Dariusz Wawrzyniak	Synthesis and biological evaluation of new fluorine-containing α -aminophosphonates as anticancer agents and scaffold to human urokinase plasminogen activator inhibitors
3.03.2025	mgr Joanna Strzelec	Ionic Liquid Anchors: A Gateway to Large-Scale Liquid-Phase Oligonucleotide Synthesis
10.03.2025	prof. dr hab. Mariusz Jaskólski	A family portrait of L-asparaginases taken by crystallography
17.03.2025	mgr Martyna Mateja-Pluta	Naphthyridine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and serves as a molecular glue for crystal lattice formation
24.03.2025	dr Paweł Świtoński	Exploring the complexity of Purkinje cell degeneration in spinocerebellar ataxia type 7
31.03.2025	dr Tomasz Mądry	Mapping the Uncharted: Expanding the lncRNA vertebrate catalogs through capture long-read RNA sequencing
7.04.2025	dr Piotr Małecki	Fragment Screening in Action: Enhancing Drug Discovery Through Structural Biology – Mapping the Surface Groove of PaSAHase and the Active Site of KDM4
14.04.2025	mgr Amadeusz Woś	A systematic study of topological preferences of two-tetrad G-quadruplexes
12.05.2025	dr Katarzyna Klonowska	TSC angiofibroma and ungual fibroma have different mutation signatures, with recurrent mutations in KMT2C
19.05.2025	mgr Julian Zacharjasz, dr hab. Monika Piwecka	miRNA regulation in the pituitary gland – old players and new insights into their time-, space- and hormone stimulation-dependent expression
26.05.2025	dr Maja Szymańska-Lejman	Can We Hack Meiosis? Targeting Meiotic Recombination with dCas9 in Arabidopsis
2.06.2025	prof. dr hab. Ryszard Kierzek	Thermodynamics of nucleic acids, recent studies

9.06.2025	prof. dr hab. Wojciech Gawelda	Research opportunities for studying bio-chemical dynamics with X-ray free electron lasers
16.06.2025	Arvind Srinivasan, MSc	Exploring the Landscape of circRNAs in Myotonic Dystrophy Type 1: From Biogenesis to Cross-species Comparison
23.06.2025	dr Julita Gumna-Mikina	Virus-like system of neuronal communication: deciphering the mammalian Arc – RNA interactions
30.06.2025	prof. dr hab. Anna Pasternak	Silencing a Killer: How Foldback TFOs Can Disrupt Cancer Switch
6.10.2025	Mgr inż. Piotr Rydlichowski	Długodystansowa koherentna komunikacja kwantowa – aspekt teoretyczny oraz praktyczna implementacja
13.10.2025	dr Weronika Kotkowiak	Modified nucleotide residues as potential tool to increase aptamer – target protein interaction
20.10.2025	dr inż. Marcin Radom	Issues and problems related to the analysis of biological systems modelled by Petri nets
27.10.2025	dr Mikołaj Zaborowski	Deep learning analysis of cancer cell and tissue images for precision oncology
3.11.2025	dr Paweł Zmora	Epidemiology, serology and genomics of mpox outbreaks in Poznan from 2022 to 2025
17.11.2025	prof. dr hab. Michał Jasiński	Cytokinins in and out – how ABC driven transport shapes Medicago root morphology upon nitrogen deficiency
24.11.2025	dr Paulina Gałka-Marciniak	Whole-miRNome sequencing: a panel for the targeted sequencing of all human miRNA genes
1.12.2025	prof. dr hab. Elżbieta Kierzek	Finding SARS-CoV-2 small molecule inhibitors targeting RNA
8.12.2025	prof. dr hab. Marta Olejniczak, mgr Anna Misiukiewicz	Improving the efficacy and safety of genome editing approaches for sickle cell disease
15.12.2025	dr Justyna Lalak-Kańczugowska	Molecular basis of phytochelatase synthase function in pathogen-triggered indole glucosinolate metabolism in the Brassicaceae family

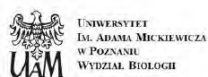
Załącznik 5. Program RNA Salon Poznań

Organizacja: dr hab. Zbigniew Warkocki, prof. ICHB PAN

Data	Prezentujący	Temat
9.09.2025 r.	Dr Marcin Kortylewski	Multifunctional Oligonucleotides: Unlocking New Frontiers in Cancer Treatment

Inne aktywności RNA Salon Poznań w roku sprawozdawczym:

- Organizacja konkursu z nagrodami na najlepsze prace licencjacką, magisterską i publikacje doktorantów i studentów zwieńczonego galą rozdania dyplomów i nagród 19.12.2025 r. (na Wydziale Biologii UAM)
- Współorganizacja 2nd Polish RNA Biology Meeting w dniach 24-27.06.2025 r. (<https://2ndrna.web.amu.edu.pl/>)



Krajowy Naukowy
Ośrodek Wiedzy



INSTYTUT CHEMII BIOORGANICZNEJ
Polskiej Akademii Nauk



RNA Salon Poznań



Detailed programme

Wednesday, September 17th, 17.09.2025	
09:00 – 16:00	Registration open (at the front of the Collegium Politicum, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 5)
10:00 – 11:30	Meeting of the Board of the Polish Biochemical Society (Sala Profesorska)
12:00 – 13:30	Congress opening ceremony - Collegium Politicum Aula
12:00 – 12:10	Congress Opening and Welcome Address <i>Marek Figlerowicz (Congress Chair and Scientific Committee Chair)</i> <i>Zbigniew Warkocki (Chair of the Organizing Committee)</i>
12:10 – 12:13	Welcome by the Dean of the Faculty of Political Science and Journalism AMU <i>Szymon Ossowski</i>
12:13 – 12:16	Welcome by the Dean of the Faculty of Biology AMU <i>Krzysztof Sobczak</i>
12:16 – 12:19	Welcome by the President of the Polish Biochemical Society <i>Adam Szewczyk</i>
12:19 – 12:24	Laudation and presentation of the Honorary PTBioch Member Diploma to Rostyslav Stoika <i>Paweł Pomorski, Adam Szewczyk</i>
12:24 – 12:30	Laudation and presentation of the 2024 Parnas Award <i>Andrzej Legocki, Adam Szewczyk</i>
12:30 – 13:00	Lecture by the 2024 Parnas Award Winner <i>Andrzej Dziembowski</i>
13:00 – 13:30	Violin and harp concert <i>Barbara Szelażewicz, Michał Zator</i>
13:30 – 14:30	Lunch – Collegium Biologicum (ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6; ground floor)
14:30 – 15:30	Keynote lecture – Virginijus Šikšnys , Collegium Politicum Aula Arms race in microbial world: from antiphage defense to genome editing and beyond <i>Chairs: Józef Dulak, Krzysztof Sobczak</i>
15:30 – 16:00	Coffee break – Collegium Politicum
16:00 – 17:00	Keynote Lecture - Magdalena Żernicka-Goetz , Collegium Politicum Aula Modeling Human Development Beyond Implantation Using Integrated Stem Cell-Derived Models <i>Chairs: Maria Anna Ciemerych-Litwinienko, Cecilia Lanny Winata</i>
17:00 – 19:00	Poster session A - Collegium Biologicum (<i>Poster presenters are requested to hang their posters before the session. Posters should be hanged during the entire session – 2hrs. Posters can remain hanged by 18.9. lunch time.</i>)
17:00 – 18:00	Posters 1 – 62; Posters of short talk presenters of sessions: Nucleic Acids Chemistry and Structure, Nucleic Acids Biology Protein Chemistry and Structure Cell Biology, Developmental Biology
18:00 – 19:00	Posters 63 – 124; Posters of short talk presenters of sessions: Nucleic Acid Bioinformatics, Genetics and Epigenetics Protein Biology, Proteomics and Metabolomics Neurobiology
19:00 – 20:00	Welcome reception - Collegium Biologicum, ground floor

Thursday, September 18 th , 18.09.2025					
08:40 – 16:00	Registration open – Collegium Politicum				
09:00 – 10:30	Parallel Sessions 1 – Collegium Politicum				
	Cell Biology Aula <i>Chairs: Malgorzata Borowiak, Józef Dulak</i> 09:00-09:30 <i>Malgorzata Borowiak</i> Mechanosignaling in human pancreatic beta cell development and function 09:30-09:45 <i>Weronika Szukala</i> MCPIP Proteins as Key Modulators of Skin Cancer Fate 09:45-10:00 <i>Magdalena Machowska</i> Mutations in the EMD gene disrupt myogenesis of EDMD1 patients' cells 10:00-10:15 <i>Urszula Florczyk-Soluch</i> Context-Dependent Role of miR-378a in Diabetic and Ischemic Heart Disease: Evidence from Multi-Omics and hiPSC-CM Applications 10:15-10:30 <i>Olga Wójcicka</i> The role of Cap2	Protein Chemistry and Structure Hall 120, 1st floor <i>Chairs: Marcin Nowotny, Miłosz Ruskowski</i> 09:00-09:30 <i>Michał R. Szymanski</i> Cardiolipin-Mediated Regulation of Nuclease Activity in the Mitochondrial Repairosome 09:30-09:45 <i>Elżbieta Wątor-Wilk</i> Halfway to hypusine. Structural biology of (deoxy)hypusination 09:45-10:00 <i>Marek Tchórzewski</i> Phosphorylation of ribosomal P-stalk proteins governs auxiliary factor binding to the ribosome 10:00-10:15 <i>Mariusz Jaskolski</i> Mapping the nucleophilic attack in three Classes of L-asparaginases by structural correlations 10:15-10:30 <i>Grzegorz Dubin</i> Cargo-Pex5-Pex14	Nucleic Acid Chemistry and Structure Hall 121, 1st floor <i>Chairs: Elżbieta Kierzek, Barbara Nawrot</i> 09:00-09:30 <i>Jacek Jemielity</i> New developments in mRNA technology 09:30-09:45 <i>Grażyna Leszczyńska</i> Post-synthetic RNA modifications in focus: what we gain and what we risk 09:45-10:00 <i>Rafał M. Dolot</i> First crystal structures of DNA:2'-OMe-RNA and RNA:2'-OMe-RNA heteroduplexes 10:00-10:15 <i>Agnieszka Kiliński</i> Naphthyridine carbamate dimer ligand induces formation of Z-RNA-like fold of disease-related RNA and serves as a molecular glue for crystal lattice formation 10:15-10:30 <i>Krzysztof Brzeziński</i> Single-Particle Cryo-EM of SAHresponsive riboswitch	Sponsors' presentations Hall 125, 1st floor 09:00-09:30 Bio-rad <i>Kamil Rolski</i> Customizable SpyTag® Click-Biochemistry in Design and Construction of Therapeutic Antibodies and Peptides; Synthesis, Purification and Biological Activity Assays 09:30-10:00 ThermoFisher Scientific <i>Sam Satish</i> EVOS Imaging Platforms - Objectively Precise, incredibly easy. 10:00-10:30 Avantor: Discovery Echo Polbionica	Acta Biochimica Polonica – news and perspectives Hall 126, 1st floor <i>Chair: Grzegorz Węgrzyn</i> 09:00-09:15 <i>Grzegorz Węgrzyn</i> Acta Biochimica Polonica – the journal of Polish Biochemical Society: recent changes and further development 09:15-09:30 <i>Izabela Suchajad</i> Acta Biochimica Polonica – editorial overview 09:30-10:00 <i>Slawomir Lasota</i> Award for the best original article published in ABP in 2024 "The role of chemoattractant receptors in the electrotactic response of mouse 3T3 fibroblasts 10:00-10:30 <i>Michał Rurek</i> Award for the best review article published in ABP in 2024 "Variability of plant transcriptomic responses under stress acclimation"
	in the neuromuscular system	ternary complex for peroxisomal import	from Pseudomonas aeruginosa: a bumpy road to success		
10:30 – 11:00	Coffee break - Collegium Politicum				
11:00 – 11:50	Merck Life Science - Hodowle komórkowe 3D - o co całe zamieszanie? (3D Cell culture - what's all the fuzz about?); Yasmine Abouleila, Senior Scientist, HUB Organoids - Collegium Politicum Aula				
12:00 – 13:30	Parallel Sessions 2 – Collegium Politicum				
	Developmental Biology Aula <i>Chairs: Karolina Archacka, Maria Anna Ciemerych-Litwinienko</i> 12:00-12:30 <i>Cecilia Winata</i> Uncovering the role of the noncoding genome in heart development 12:30-12:45 <i>Zofia Eliza Madeja</i> The role of mitochondria in shaping of bovine embryonic developmental competence – from oocyte maturation to the first cleavage division 12:45-13:00 <i>Zuzanna Gonera</i> Diet-induced hyperhomocysteinemia impairs mouse oocyte quality and reveals distinct transcriptional alterations at single-cell level	Protein Biology Hall 120, 1st floor <i>Chairs: Adam Stewczyk, Marek Tchórzewski</i> 12:00-12:30 <i>Marcin J. Suskiewicz</i> Of protein filaments and condensates: the underappreciated world of protein homomultimerisation 12:30-12:45 <i>Michał Wasilewski</i> OCLAD1, prohibitins and regulation of the TIM23 translocase 12:45-13:00 <i>Anna Kurzyńska-Kokorniak</i> Unexpected ATP hydrolysis activity of human ribonuclease Dicer 13:00-13:15 <i>Przemysław Paweł Grela</i> The modus operandi of ribosome inactivating proteins at the	Nucleic Acid Biology Hall 121, 1st floor <i>Chairs: Jolanta Jura, Zbigniew Warkocki</i> 12:00-12:30 <i>Wojciech Branicki</i> DNA profiling in the study of human individuality. 12:30-12:45 <i>Justyna McIntyre</i> Tightly controlled yet highly mutagenic: exploring the regulation of human DNA polymerase ϵ 12:45-13:00 <i>Mikolaj Piotr Zaborowski</i> Detection of extracellular cancer-derived circRNAs 13:00-13:15 <i>Agata Lichawska-Ciešlar</i> Parallel and antagonistic functional roles of MCP1P1 and MCP1P3 ribonucleases in skin homeostasis	Sponsors' presentations Hall 125, 1st floor 12:00-12:30 Analitik Genetyka <i>Anna Pastyria</i> Discover the era of biology - New advances in spatial applications 12:30-13:00 I.C. Lab <i>Christian Isidro</i> Obrazowanie bez granic – od 1 cm² (LightSheet) do 3 nm (MinFLux) w jednym mikroskopie Mirava. 13:00-13:30 Cytiva <i>Stephan Pötsch</i> Micro purification and analysis of sample purity for CryoEM applications	

	13:00-13:15 Joanna Szpotkowska GPX2 and oxidative stress as gatekeepers of pancreatic cell fate 13:15-13:30 Patryk Konieczny Dystrophin isoforms DP71 and DP427 determine cell viability during proliferation and myofiber differentiation	molecular and cellular levels 13:15-13:30 Apolonia Anna Witecka Filling the gap: molecular identification and biochemical characterization of mammalian L-fucose dehydrogenase	13:15-13:30 Adam Klosin Transposons regulate stress response by sequestering HSF-1 in condensates.		
13:30 – 14:30	Lunch break - Collegium Biologicum, ground floor				
14:30 – 16:00	Parallel Sessions 3 – Collegium Politicum				
	Neurobiology Aula <i>Chairs: Aleksandra Pękowska, Dariusz Rakus</i> 14:30-15:00 Aleksandra Pękowska Evolution of foetal astrocyte functions in primates 15:00-15:15 Julita Gumna-Mikina Virus-like system of neuronal communication: deciphering the mammalian Arc – RNA interactions. 15:15-15:30 Paweł Michał Switon Transcriptional and nuclear pathology underlying Purkinje cell dysfunction in	Proteomics and Metabolomics Hall 120, 1 st floor <i>Chairs: Michał Dadlez, Magdalena Luczak</i> 14:30-15:00 Maciej Maurycy Lalowski Multi-omics analyses in rare neurodegenerative diseases: lessons to be learned 15:00-15:15 Anna Jarzab Meltome Atlas development and its utility in assessing the impact of fever on bacterial infections. 15:15-15:30 Ewa Bretes Biphenyl hydrolase-like protein (BPHL) depletion affects neurofilament cytoskeleton organization	Nucleic Acid Bioinformatics Hall 121, 1 st floor <i>Chairs: Janusz Bujnicki, Marta Szachniuk</i> 14:30-15:00 Bartek Włczyński Predicting function of non-coding DNA elements – is AI up to this challenge? 15:00-15:15 Eugene Baulin Predicting RNA secondary structure with SQUARNA 15:15-15:30 Michał Ignacy Swirski Massive aggregation of ribosome profiling data reveals hidden translational events and regulatory complexity	Sponsors' presentations Hall 125, 1 st floor 14:30-15:00 Altium Alicja Martyniak A combined approach for comprehensive investigation- high resolution imaging and real-time metabolic analysis of brain tissue 15:00-15:15 TK-Biotech Agnieszka Ciesielska Discover the next level of biological complexity with Aviti24.	Career Development in Academia: Fellowships Opportunities Hall 126, 1 st floor <i>Chairs: Piotr Laidler, Bogusz Kulawiak</i> 14:30-14:45 Piotr Laidler FEBS: Wspieranie innowacji i młodych naukowców w dziedzinie nauk o życiu 14:45-15:20 Anna Jagusiak, Dawid Wnuk FEBS: Komisja ds. karier młodych uczonych: YSF, ENABLE, Sekcja Młodych Naukowców 15:20-15:35 Rozwój kariery naukowej z Fundacją Alexandra von Humboldta
	spinocerebellar ataxia type 7 15:30-15:45 Michał Turek Pathogen threat proximity shapes host extracellular vesicle production in pre-infection response 15:45-16:00 Medi Patria Infrared Spectroscopy Identifies Biomarkers for Non-Invasive Diagnosis of Neurodegeneration in ALS Mouse Models	and mitochondrial function in mice brain 15:30-15:45 Monika Pietrowska Presence of HPV peptides in small extracellular vesicles released by tumor cells 15:45-16:00 Jakub Karczmarski The Relationship Between Fatty Acid and Bacterial Metabolite Levels in Crohn's Disease: Potential Diagnostic and Prognostic Biomarkers	15:30-15:45 Olgiard Ludwiczak Quantifying interface accuracy in predicted RNA-protein complexes 15:45-16:00 Lidia Lipińska-Zubrycka Exploring RNA metabolism with custom genome-wide 3' RACE: from yeast models to human cells	15:15-16:30 Merck – Workshop Zuzanna Burzyńska Żel do Western Blot w 3 minuty? Poznaj mPAGE® Lux Casting System	Developing a scientific career with the Alexander von Humboldt Foundation 15:35-16:00 Oferta stypendialna instytutów Polskiej Akademii Nauk i uczelni Instytut Biologii Doświadczalnej PAN Urszula Dziewulska Instytut Chemii Bioorganicznej PAN Agnieszka Konrad Śląski Uniwersytet Medyczny Patryk Chudy
16:00 – 17:00	General and voting assembly of the Polish Biochemical Society – Collegium Politicum Aula				
17:00 – 19:00	Poster session B - Collegium Biologicum, 1 st floor				
	17:00 – 18:00	Posters 125 – 187; Posters of short talk presenters of sessions: Genomics and Transcriptomics Molecular Machines and Tools, Transport and Signalling Pathways Innovative Biomedicine, Biotechnology and Microbiology Cellular Motility: Mechanisms and Structures, Applied Biotechnology			
	18:00 – 19:00	Posters 188 – 248; Posters of short talk presenters of sessions: Nucleic Acids in Disease and Therapy Bioactive Compounds and Small Molecules Plant Biology Mitochondria and Membranes: Function and Regulation in Cellular Signalling, Flow Cytometry			

19:00 – 21:00	Grill, barbecue & networking - Collegium Biologicum, ground floor				
Friday, September 19 th , 19.09.2025					
08:40 – 16:00	Registration open - Collegium Politicum				
09:00 – 10:30	Parallel Sessions 4 – Collegium Politicum				
	Innovative Biomedicine Aula <i>Chairs: Natalia Rozwadowska, Barbara Uszczyńska-Ratajczak</i> 09:00-09:30 <i>Piotr Trzonkowski</i> From bench to bedside – T regulatory cells in the treatment of autoimmunity 09:30-09:45 <i>Krzysztof Drabikowski</i> Modelling PACS2 syndrome in the nematode <i>Caenorhabditis elegans</i> for drug repurposing screening 09:45-10:00 <i>Jerzy Kotlinowski</i> Ductular reaction in Mcp1-deficient mice is alleviated by <i>Lactobacillus rhamnosus</i> treatment via targeting gut-liver axis 10:00-10:15 <i>Tomasz Kolanowski</i> From first clinical-stage CAR-T product developed in Poland to advancements on international biotech	Molecular Machines and Tools Hall 120, 1st floor <i>Chairs: Anna Marusiak, Marta Olejniczak</i> 09:00-09:30 <i>Anna Marusiak</i> PROTAC-based approach for selective MLK3 degradation in triple-negative breast cancer 09:30-09:45 <i>Magdalena Dabrowska</i> CRISPRi screen revealed new genes involved in CAG repeat shortening process following endonuclease-induced DNA break 09:45-10:00 <i>Anna Urbanowicz</i> Beyond icosahedral symmetry: Insights into the self-assembly of recombinant virus-like particles derived from icosahedral plant viruses 10:00-10:15 <i>Monika Targońska</i> From Genotype to Function: Tools for Analysis of LDLR (Low-	Genetics and Epigenetics Hall 121, 1st floor <i>Chairs: Agnieszka Żmienko, Dominik Strapagiel</i> 09:00-09:30 <i>Tomasz Kazimierz Wojdacz</i> The increasing significance of epigenetic biomarkers in personalized medicine 09:30-09:45 <i>Bart Krist</i> The role of lamina-associated domains (LADs) and 3D genome architecture in the establishment of epidermal barrier 09:45-10:00 <i>Michał Dmowski</i> Contribution of non-catalytic subunits of the replisome to genetic stability and cell cycle control 10:00-10:15 <i>Maja Szymańska-Lejman</i> Reprogramming meiotic recombination at hotspots in <i>Arabidopsis</i> through	Cellular Motility: Mechanisms and Structures Hall 125, 1st floor <i>Chair: Joanna Moraczewska</i> 09:00-09:15 <i>Marta Migocka-Patrzałek</i> How does the reduced availability of an energy source affect skeletal muscles? Zebrafish as a model of human McArdle disease 09:15-09:30 <i>Jakub Ostrowski</i> Myosin VI in <i>Drosophila</i> border cell migration 09:30-09:45 <i>Antonina Joanna Mazur</i> FHOD1 – an actin polymerase – binds to lipid droplets (LDs) and regulates their functioning in human skin melanoma cells 09:45-10:00 <i>Nithin Chandran</i> Computational modeling reveals distinct protein stability and	Applied Biotechnology Hall 126, 1st floor <i>Chair: Jakub Dalibor Rybka</i> 09:00-09:15 <i>Adam Aron Mieloch</i> Superparamagnetic Iron Oxide Nanoparticles (SPIONs): A Versatile Platform for Capture and Detection of Biomolecules 09:15-09:30 <i>Marta Anna Białobrzęska</i> Patient-derived induced pluripotent stem cells-based model uncovers cardiomyocyte-specific dystrophin Dp427 preservation and Dp116 expression in Duchenne Muscular Dystrophy caused by atypical splicing of DMD gene 09:30-09:45 <i>Agata Gołębek-Grenda</i> Targeting the immune response and redox imbalance in endometriosis with
	landscape – summary of FamiCordTx clinical trials and ongoing research. 10:15-10:30 <i>Marta Przymsztala</i> 3D cardiac microtissue model reveals vascular, contractile and transcriptomic dysregulation in Duchenne muscular dystrophy	Density Lipoprotein Receptor Variants 10:15-10:30 <i>Witold Staflarski</i> Mitoxantrone binds the ribosomal exit tunnel: structural and functional explanation for translation inhibition, stress granule formation, and therapeutic relevance in multiple sclerosis	targeted chromatin modification 10:15-10:30 <i>Joanna Zeyland</i> Caught in the Act: Natural Hybridization Between <i>Jacobaea vulgaris</i> and <i>J. erucifolia</i> Revealed by Molecular Markers	interaction defects due to pathogenic DNAIL1 variants 10:00-10:15 <i>Slawomir Lasota</i> Unraveling the biphasic mechanism of electrotaxis 10:15-10:30 <i>Weronika Krzeszowiec-Jeleń</i> GLR channels are involved in chloroplast movements in <i>Lemna trisulca</i>	resveratrol and its natural analogs 09:45-10:00 <i>Areta Magda Czerwńska</i> A microfluidic model of the blood–brain barrier for electroporation-mediated permeability modulation 10:00-10:15 <i>Dawid Stepnik</i> Make Your Data Speak: Simplified Approaches to High-Dimensional Flow Cytometry Analysis 10:15-10:30 <i>Katarzyna Blaszczyk</i> Exploiting the properties of human early β-cells to boost generation of insulin producing cells in vitro
10:30 – 11:00	Coffee break - Collegium Politicum				
11:00 – 12:00	Keynote lecture – Harold E. Varmus; Collegium Politicum Aula				
	Cancer Genetics: Past, Present, and Future				
	<i>Chairs: Jan Barciszewski, Zbigniew Warkocki</i>				
12:15 – 13:45	Parallel Sessions 5 – Collegium Politicum				
	Meet the keynote speaker career development session – and Adrian Krainer remote lecture Aula	Transport and Signalling Pathways Hall 120, 1st floor <i>Chairs: Agnieszka Dobrzyń, Michał Jasiński</i>	Genomics and Transcriptomics Hall 121, 1st floor <i>Chairs: Luiza Handschuh, Piotr Ziolkowski</i>	Biotechnology and Microbiology Hall 125, 1st floor <i>Chairs: Katarzyna Hryniewicz, Grzegorz Węgrzyn</i>	

	A panel with Magdalena Żernicka-Goetz Harold E. Varmus Virginijus Šikšnys Nikolaus Rajewsky Adrian Krainer Andrzej Dziembowski and the participants Adrian Krainer Antisense Oligonucleotides for Diffuse Midline Glioma 13:15 – 13:45	12:15-12:45 Malgorzata Janicka Plant plasma membrane proton pump, its role in transport and signalling. 12:45-13:00 Beata Greb-Markiewicz Localization and functioning of the bHLH family of transcription factors 13:00-13:15 Anna Niedźwiecka Highly polyanionic, intrinsically disordered proteins regulate biomineralization through liquid-liquid phase separation 13:15-13:30 Robert Kleszcz Wnt signaling pathway inhibition as the foundation for combined molecular targeted therapy of head and neck squamous cell carcinoma 13:30-13:45 Katarzyna Piwocka Stroma-driven horizontal transfer of TCA proteins mediates metabolic plasticity and imatinib resistance in leukemia	12:15-12:45 Kinga Kamieniarz-Gdula Proximity of pre-mRNA 3' end cleavage and transcription termination enhances gene expression and compromises colorectal cancer 12:45-13:00 Katarzyna Nowis Isoform switching as a key mechanism in chemotherapy resistance in triple-negative breast cancer 13:00-13:15 Katarzyna Klonowska TSC angiofibroma and ungual fibroma have different mutation signatures, with recurrent mutations in KMT2C 13:15-13:30 Paulina Galka-Marciniak Whole-miRNome Sequencing 13:30-13:45 Marcin Piotr Sajek Unexplored RNA biology of non-model organisms as a source of putative drug targets – polyadenylation signals in Giardia.	12:15-12:45 Paulina Niedźwiecka-Rystwej Interplay Between Autophagy and Apoptosis in Viral Infections: Insights from Lagovirus europaeus 12:45-13:00 Antonina Naskalska Developing modular virus-like particles as vaccine platforms for challenging pathogens 13:00-13:15 Agnieszka Raziń Development of the universal chemically-defined medium for the analysis of „stressed“ bacterial EVs in the context of undernutrition 13:15-13:30 Adrian Augustyniak Optimizing pyocyanin production with nanostimulants 13:30-13:45 Dorota Kostrzewa-Nowak Clinical picture of selected cytokine secretion in pediatric patients with urosepsis caused by E. coli	
13:45 – 14:00	Group photo in front of Collegium Biologicum				
14:00 – 15:00	Lunch break - Collegium Biologicum				
15:00 – 16:30	Parallel Sessions 6 – Collegium Politicum				
	Plant Biology Aula <i>Chairs: Paweł Bednarek, Szymon Świeżewski</i> 15:00-15:30 Magda Krzymowska How plants sense invaders? 15:30-15:45 Michał Rurek The new, comprehensive repository for plant rich-glycine proteins- construction, challenges and perspectives 15:45-16:00 Emmanuel Arkorful Exopolysaccharides from <i>Hymenocyclops fraxineus</i> induce cell wall remodelling and activates immune response in ash and Arabidopsis 16:00-16:15 Justyna Boniecka The role of the stringent response in the regulation of tomato (<i>Solanum lycopersicum</i> L.) plant development and responses to stress 16:15-16:30 Frédéric Marsolais Inhibition of β-substituted alanine synthase 4;1 from common bean (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) by benzoic and salicylic acids	Bioactive Compounds and Small Molecules Hall 120, 1st floor <i>Chairs: Marcin Drag, Izabela Sadowska-Bartosz</i> 15:00-15:30 Karolina Pierzynowska The role of peroxisomes in the regulation of autophagy and ferroptosis: a novel mechanism in NBLA pathogenesis. 15:30-15:45 Agnieszka Loboda Therapeutic targeting of hydrogen sulfide in Duchenne muscular dystrophy: functional and molecular benefits of H₂S donors in dystrophic mouse models 15:45-16:00 Lukasz Skalniak Ten years of targeting PD-L1 with small molecules: improving the bioactivity and deciphering the mechanism of action 16:00-16:15 Jolanta Kryczka Bis-(di-4-phenyl-benzylaminethiocarbonyl) disulfide Reverses Cisplatin Resistance of ABCG2 and ALDH3A1 Overexpressing Non-Small Cell Lung Cancer Cells 16:15-16:30 Aleksandra Majchrzak-Celińska	Nucleic Acids in Disease and Therapy Hall 121, 1st floor <i>Chairs: Agnieszka Fiszer, Jacek Jemielity</i> 15:00-15:30 Andrzej Dziembowski Complex metabolic pathways of therapeutic mRNAs in vivo 15:30-15:45 Ewa Stępnia-Konieczna Small activating RNA-based therapeutic modulation of MBNL1 transcription in myotonic dystrophy 15:45-16:00 Simran Yadav Functional Insights and Validation of Blood-Based miRNA Biomarkers in Alzheimer's Disease Using the 3xTg-AD Model 16:00-16:15 Izabella Slezak-Prochazka Dissecting the dual role of LINC00116 in B-cell lymphoma: functional contribution of the lncRNA and its encoded micropeptide Mitoregulin 16:15-16:30 Adrian Tiré Cancer mutations turn key miRNAs into broken regulators	Mitochondria and Membranes: Function and Regulation in Cellular Signalling Hall 125, 1st floor <i>Chairs: Wiesława Jarmuszkiewicz, Adam Szweczyk, Piotr Koprowski</i> 15:00-15:30 Piotr Koprowski Pore dewetting as a common mechanism in gating and inhibition of large-conductance calcium-activated potassium (BK_{Ca}) channels. 15:30-15:45 Kamila Maliszewska-Olejniczak BK_{Ca} Channel as a Novel Modulator of DNA Damage Response in Human Bronchial Epithelial Cells Exposed to Particulate Matter 15:45-16:00 Lukasz Galgański Mitochondrial adaptations to hypoxia and reoxygenation in human endothelial cells 16:00-16:15 Ulrike Topf The cytosolic ribosomal protein Rpl40/eL40 supports mitochondrial function 16:15-16:30 Karolina Pytlak The mitoBK Channel as a Player in the	Flow Cytometry: Empowering Discovery Under patronage of BFCs Hall 126, 1st floor <i>Chairs: Lidia Gackowska, Paulina Jackowiak</i> 15:00-15:30 Mariusz Kaczmarek Flow Cytometry – Beyond the Limits of Imagination 15:30-15:45 Paulina Jackowiak Identification and profiling of planarian multinucleated cells using imaging flow cytometry 15:45-16:00 Wojciech Juzwa Before you proceed with cultivation step: flow cytometry in microbiology uncovered 16:00-16:15 Kamil Szeliski Extracellular Vesicle Analysis by Flow Cytometry: Challenges and Opportunities 16:15-16:30 Michał Maj Where Science Sharpens Its Edge: Core Labs as Strategic Enablers

		<i>Sonodynamic therapy with violacein encapsulated in nanoliposomes for melanoma treatment</i>		<i>Epithelial Response to Urban Particulate Matter</i>	
16:30 – 17:00	Coffee break - Collegium Politicum				
17:00 – 18:00	FEBS National Lecture - Nikolaus Rajewsky ; Collegium Politicum Aula Predicting disease trajectories <i>Chairs: Luiza Handschuh, Marek Figlerowicz</i>				
18:00 – 18:40	Congress awards and closing ceremony - Collegium Politicum Aula				
	18:00 - 18:10	Concluding remarks and acknowledgements			
	18:10 - 18:30	Short talk and poster Award ceremony, Lottery winners ceremony			
	18:30 - 18:40	Congress closure			
20:00 – 24:00	Congress Gala Dinner – Hanka al. Niepodległości 26 Featuring Continuo string quartet				
20:00 – 22:00	Young Scientists' Activity – Institute of Bioorganic Chemistry PAS, ul. Henryka Wieniawskiego 17/19 Catering and Bob Dylan's songs played and sung by Władysław Węgorek				

Saturday, September 20th, 20.09.2025

10:00 – 14:00	Nauka dla Społeczeństwa – Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, ul. Henryka Wieniawskiego 17/19 With coffee breaks and sweets	
10:00 – 10:45	Maria Anna Ciemerych-Litwinienko	<i>Ab ovo</i> - blaski i cienie pluripotencji
11:00 – 11:45	Józef Dulak	Komórki macierzyste: zastosowania, perspektywy, nieporozumienia
12:00 – 12:45	Hanna Kmita	Czy drożdże i niesporczaki pomogą nam w podróżach kosmicznych?
13:00 – 13:45	Marek Figlerowicz	Czy genomika umożliwi poznanie naszej przeszłości?
10:00 – 13:00	Poznan sightseeing with a guide (free upon registration): Poznań Imperial Quarter with Castle and Św. Marcin street, Okrągłak, Plac Wolności, Bazar, Old Market Square, Fara, Chwaliszewo, Cathedral Island	
10:00 – 14:30/15	Excursion to Rogalin (park with the oaks and palace; registration and payment needed)	
10:00 – 14:30/15	Excursion to Kórnik (arboretum and castle with the old prints; registration and payment needed)	

10-14 marca 2025
godz. 16.00-18.00
Oddział PAN w Poznaniu
Sala Turkusowa (2. piętro)
Pałac Działyńskich, Stary Rynek 78/79

**Światowy
16. Tydzień
MÓZGU
w Poznaniu**



Organizatorzy:
PAN Polska Akademia Nauk Oddział w Poznaniu
Instytut Genetyki Człowieka PAN
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

poznan.pan.pl

PROGRAM

10.03 Poniedziałek Inauguracja

Otwarcie i prowadzenie:
prof. dr hab. Jerzy Kaczorowski, czł. rzecz. PAN
Prezes Oddziału PAN w Poznaniu

16.00 Jak powstaje pamięć?

Prof. dr hab. Małgorzata Kossut, czł. rzecz. PAN
Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN

17.00 Oś mózgowo-jelitowa w zaburzeniach neuropsychiatrycznych

Prof. dr hab. n. med. Hanna Karakuła-Juchnowicz
Uniwersytet Medyczny w Lublinie

18.20 Koncert wiosenny

Studenci Akademii Muzycznej im. I. J. Paderewskiego
w Poznaniu

11.03 Wtorek

Prowadzenie: dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN
dyrektor Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu

16.00 Leczenie „szyte na miarę”. Jak biologia molekularna może wspierać terapię guzów mózgu

Dr hab. Katarzyna Rolie, prof. ICHB PAN
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN

17.00 Uzależnienie – jak powstaje i jak się objawia

Dr n. med. Eryk Matuszkiewicz, Uniwersytet Medyczny
im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu

12.03 Środa

Prowadzenie: prof. dr hab. Maciej Giefling
dyrektor Instytutu Genetyki Człowieka PAN

16.00 Co mózg i jądra mają ze sobą wspólnego?

Dr hab. n. med. Kamila Kusz-Zamelczyk
Instytut Genetyki Człowieka PAN

17.00 Immunologiczne zapalenie mózgu

Prof. dr hab. n. med. Sławomir Michałak
Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego
w Poznaniu

13.03 Czwartek

Prowadzenie: prof. dr hab. n. med. Janusz Rybakowski
czł. koresp. PAN, Uniwersytet Medyczny
im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu

16.00 Obrazowanie mózgu w chorobach psychicznych

Prof. dr hab. n. med. Agata Szulc
Warszawski Uniwersytet Medyczny

17.00 Psychiatria dzieci i młodzieży – gdzie jesteśmy?

Prof. dr hab. n. med. Małgorzata Janas-Kozik
Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

14.03 Piątek

Prowadzenie: prof. dr hab. Jerzy Kaczorowski
czł. rzecz. PAN, Prezes Oddziału PAN w Poznaniu

16.00 Zestresowany mózg – czy wpływa na geny, stan zapalny i depresję?

Prof. dr hab. n. med. Aleksandra Szczepankiewicz
Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego
w Poznaniu

17.00 Neuroprzekaznikowa koncepcja przyczyn i leczenia zaburzeń nastroju

Prof. dr hab. n. med. Janusz Rybakowski, czł. koresp. PAN
Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego
w Poznaniu

WSTĘP WOLNY



Załącznik 8. „Piknik u generała” – żywa lekcja historii Turwi



PAŁAC W TURWI
1770

Piknik u Generała

24 maja 2025 (sobota)
godz. 11:00 – 17:00
Zespół Pałacowo-Parkowy w Turwi, ul. Szkolna 4

Zapraszamy do siedziby generała Dezyderego Chłapowskiego
na wyjątkowe wydarzenie plenerowe
w duchu wielkopolskiej historii, tradycji i pracy organicznej.

W programie m.in.:

- pokaz mody historycznej – Fashion School Poznań
- prelekcje o historii ubioru – Muzeum Historii Ubioru
- inscenizacje w Pałacu - Stowarzyszenie Teatralne „Legion”
- występ taneczny - Zespół Tańca Ludowego „Poznań” AWF
- występ wokalny – Seniorzy z Klubu Złotej Jesieni z Turwi
- degustacje potraw regionalnych – Koło Gospodyń Wiejskich z Turwi (płatność tylko gotówką)
- warsztaty i gry inspirowane historią

Przyjdź w stroju z epoki lub z historycznym akcentem!
Kapelusz, suknia, peleryna, a może wąsy lub monokl?

Udział w wydarzeniu jest równoznaczny
z akceptacją regulaminu wydarzenia dostępnego na stronie:
<https://portal.ichb.pl/regulamin-piknik-u-generala/>



Projekt zrealizowano w ramach programu „Praca organiczna – dziedzictwo Wielkopolan” organizowanego na Szlaku Pracy Organicznej, inicjatywy koordynowanej przez Pałac Generała Dąbrowskiego w Winnej Górze. Dofinansowano ze środków Samorządu Województwa Wielkopolskiego.



 **Polska Akademia Nauk, Oddział w Poznaniu**
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu

zapraszają na wykłady otwarte pt.

NAUKA NA WAKACJACH

w Domu Pracy Twórczej Polskiej Akademii Nauk w Juracie,
ul. Wojska Polskiego 5/7

Organizacja i prowadzenie: prof. dr hab. Jan Barciszewski (Jan.Barciszewski@ibch.poznan.pl; tel. 61 852 85 03 w. 1132)
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN / Centrum NanoBiomedyczne UAM

3 lipca 2025, godz. 19 ⁰⁰	prof. dr hab. Adam Łukaszewicz Uniwersytet Warszawski, Wydział Archeologii, Warszawa <i>Tajemnicza królowa Kleopatra</i>
10 lipca 2025, godz. 19 ⁰⁰	dr hab. n. med. Anna Maria Barciszewska Katedra i Klinika Neurochirurgii i Neurotraumatologii, Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego; Oddział Kliniczny Neurochirurgii i Neurotraumatologii, Uniwersytecki Szpital Kliniczny, Poznań <i>Tętniaki naczyń mózgowych - ukryte zagrożenie w naszej głowie</i>
17 lipca 2025, godz. 19 ⁰⁰	dr hab. Katarzyna Rolle, prof. ICHB PAN Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk, Poznań <i>Terapia szyta na miarę w nowoczesnym leczeniu guzów mózgu</i>
24 lipca 2025, godz. 19 ⁰⁰	prof. dr hab. Alicja Węgrzyn Uniwersytecki Ośrodek Badań Stosowanych i Międzyobszarowych, Centrum Terapii Fagowych, Uniwersytet Gdański, Gdańsk <i>Mikroplastik - ukryte zagrożenie dla zdrowia człowieka</i>
31 lipca 2025, godz. 19 ⁰⁰	prof. dr hab. Jan Marcin Węslawski Instytut Oceanologii Polskiej Akademii Nauk, Sopot <i>Morska wersja legend miejskich w Polsce</i>
7 sierpnia 2025, godz. 19 ⁰⁰	prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn Katedra Biologii Molekularnej, Uniwersytet Gdański, Gdańsk <i>O myśleniu i odwadze w nauce (i nie tylko...)</i>
14 sierpnia 2025, godz. 19 ⁰⁰	prof. dr hab. inż. Jakub D. Rybka Centrum NanoBiomedyczne, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań <i>Nowe perspektywy dla medycyny regeneracyjnej</i>
21 sierpnia 2025, godz. 19 ⁰⁰	dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk, Poznań <i>Pochodzenie Piastów - czy można je wyczytać z badań genetycznych?</i>

    
   
Projekt dofinansowany ze środków Polskiej Akademii Nauk Wstęp wolny!

