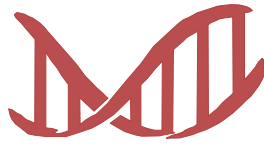


INSTYTUT



BiolMed

INSTYTUT BIOLOGII MEDYCZNEJ
POLSKIEJ AKADEMII NAUK
93-232 Łódź, ul. Lodowa 106

R A P O R T

Z DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ

**INSTYTUTU BIOLOGII MEDYCZNEJ
POLSKIEJ AKADEMII NAUK**

w 2021 roku

Łódź, 2022 r.

SPIS TREŚCI

	Strona
Ogólne informacje o działalności Instytutu Biologii Medycznej PAN w 2021r.	3
Centrum Doskonałości w Dziedzinie Biologii Medycznej	10
Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz biotechnologii, farmacji, i kosmetologii	10
Laboratorium Skriningowe IBM PAN	11
Laboratorium Modelowania Molekularnego IBM PAN	12
Zakłady Inżynierii Genetycznej IBM PAN	13
Krajowa Biblioteka Związków Chemicznych	14
Zatrudnienie w Instytucie Biologii Medycznej PAN	15
Działania IBM PAN na rzecz walki z epidemią SARS-Cov-2.	17
Sprawozdania z realizacji zadań statutowych	19
Sprawozdania z realizowanych projektów badawczych	40
Wybrane ważniejsze wyniki badań	76
Informacja o umowach zawartych z innymi podmiotami	77
Współpraca naukowa Instytutu z placówkami zagranicznymi	78
Publikacje, cytowania, doniesienia zjazdowe i konferencyjne w 2021r.	84
Wykaz publikacji	85
Cytowania	91
Doniesienia zjazdowe i konferencyjne	93
Wykłady	94
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	96
Informacje o pozostałej aktywności naukowej pracowników Instytutu Biologii Medycznej PAN w 2021 r.	99
Nagrody	100
Działalność o charakterze innowacyjnym	102
Rozwój kadr naukowych	103
Działalność na rzecz terytorialnych struktur samorządowych	107
Działalność ekspercka, przygotowywanie opinii, recenzji, udział w konsultacjach, itp.	110
Członkostwo z wyboru w organizacjach naukowych	113
Finanse Instytutu Biologii Medycznej PAN w 2021 r.	118
Sieci naukowe	119
Członkostwo w Konsorcjach Naukowych	120
Szkoła Doktorska <i>BioMedChem</i>	127
Specjalne urządzenie badawcze „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji i hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu”	128

OGÓLNE INFORMACJE O DZIAŁALNOŚCI JEDNOSTKI w 2021 r.

Instytut Biologii Medycznej PAN

ul. Lodowa 106, 93-232 Łódź

Tel.: (042) 27 23 633, fax.: (042) 27 23 630

e-mail: jdziadek@cbm.pan.pl; jdastych@cbm.pan.pl

sekretariat naukowy: sekretariat@cbm.pan.pl; aobidowska@cbm.pan.pl

[http// www.ibmpan.pl](http://www.ibmpan.pl)

Dyrektor Instytutu:

Zastępca Dyrektora do Spraw Naukowych:

Przewodniczący Rady Naukowej:

prof. dr hab. Jarosław Dziadek

prof. dr hab. Jarosław Dastych

prof. dr hab. Antoni Różalski

Instytut Biologii Medycznej PAN został utworzony Decyzją Prezesa PAN Nr 4 z 27 lutego 2008. Wpisany do Rejestru Instytutów Polskiej Akademii Nauk pod numerem RIN-VI-64/08. Na podstawie Decyzji nr 64/08 Prezesa PAN z dnia 29 kwietnia 2008 roku uzyskał osobowość prawną.

Instytut stał się następcą prawnym w zakresie praw i obowiązków zlikwidowanego z dniem 28 kwietnia 2008 na podstawie Uchwały nr 49/2007 Prezydium PAN Centrum Biologii Medycznej PAN (Centrum Biologii Medycznej PAN zostało powołane do życia z dniem 1 lipca 2003 r. Uchwałą Nr 26/03 Prezydium PAN z dnia 11 czerwca 2003 w wyniku połączenia dwóch łódzkich placówek Polskiej Akademii Nauk, Centrum Mikrobiologii i Wirusologii (1987 - 2003) oraz Zakładu Amin Biogennych (1959 - 2003). Działalność podjęło z dniem 01 stycznia 2004 r.)

Instytut Biologii Medycznej PAN od dnia 1 maja 2019 roku posiada uprawnienia do nadawania stopnia doktora w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne (Komunikat Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów z dnia 30 kwietnia 2019).

Decyzją Centralnej Komisji do Spraw Stopni i Tytułów Nr BCK-IV-U/dr hab.-617/19 z dnia 29 kwietnia 2020 roku Instytut Biologii Medycznej PAN uzyskał uprawnienia do nadawania stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne.

W wyniku oceny parametrycznej za lata 2013-2016 Instytutowi została przyznana przez MNiSW Decyzją Nr 193/KAT/2017 z 30.11.2017 **KATEGORIA „A” na okres do dnia przyznawania kategorii naukowej na podstawie kolejnej oceny jakości działalności naukowej.**

Przedmiotem działalności Instytutu jest prowadzenie badań naukowych w zakresie nauk biomedycznych skupionych na wyjaśnieniu podstawowych mechanizmów molekularnych procesów fizjologicznych i patofizjologicznych oraz biotechnologii medycznej. Placówka działa na rzecz rozwoju w/w dziedzin nauki, a w szczególności zajmuje się prowadzeniem nowoczesnych badań podstawowych i aplikacyjnych.

Do zadań Instytutu należy w szczególności:

Prowadzenie prac badawczych w zakresie: biologii i biotechnologii, medycznej badań relacji organizm-środowisko oraz badań na styku patogen-gospodarz na poziomie molekularnym, komórkowym i na poziomie organizmu, w dziedzinach: nauk medycznych, nauk biologicznych, nauk chemicznych i nauk farmaceutycznych.

Uprawiane specjalności: biologia medyczna, farmakologia, mikrobiologia, wirusologia molekularna, biologia molekularna, genetyka i fizjologia drobnoustrojów, immunologia, immunobiologia zakażeń, chemia medyczna i biologiczna, struktura i funkcja DNA, struktury komórkowe bakterii.

Instytut Biologii Medycznej PAN będąc partnerem w projekcie EU-OPENSSCREEN „Europejska infrastruktura otwartych platform screeningowych w biologii chemicznej”, realizowanym w ramach 7 Programu Ramowego (SP4 Capacities, Theme INFRA -2010-2.2.6, Combination of CP & CSA Construction of New Research Infrastructures – Preparatory Phase, numer kontraktu 261281) i koordynatorem polskiego konsorcjum POL-OPENSSCREEN wchodzącego w skład konsorcjum międzynarodowego EU-OPENSSCREEN **został umieszczony na liście projektów Polskiej Mapy Drogowej Infrastruktury Badawczej**, uszeregowanej wg strategicznych obszarów badań, zatwierdzonej przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

Decyzją Nr DIR/PMIB/2020/146 MNiSW z dnia 2 lipca 2020 strategiczna infrastruktura badawcza pt. „POL-OPENSSCREEN – Polska Platforma Infrastruktury Skryningowej dla Chemii Biologicznej” została wpisana na Polska Mapę Infrastruktury Badawczej.

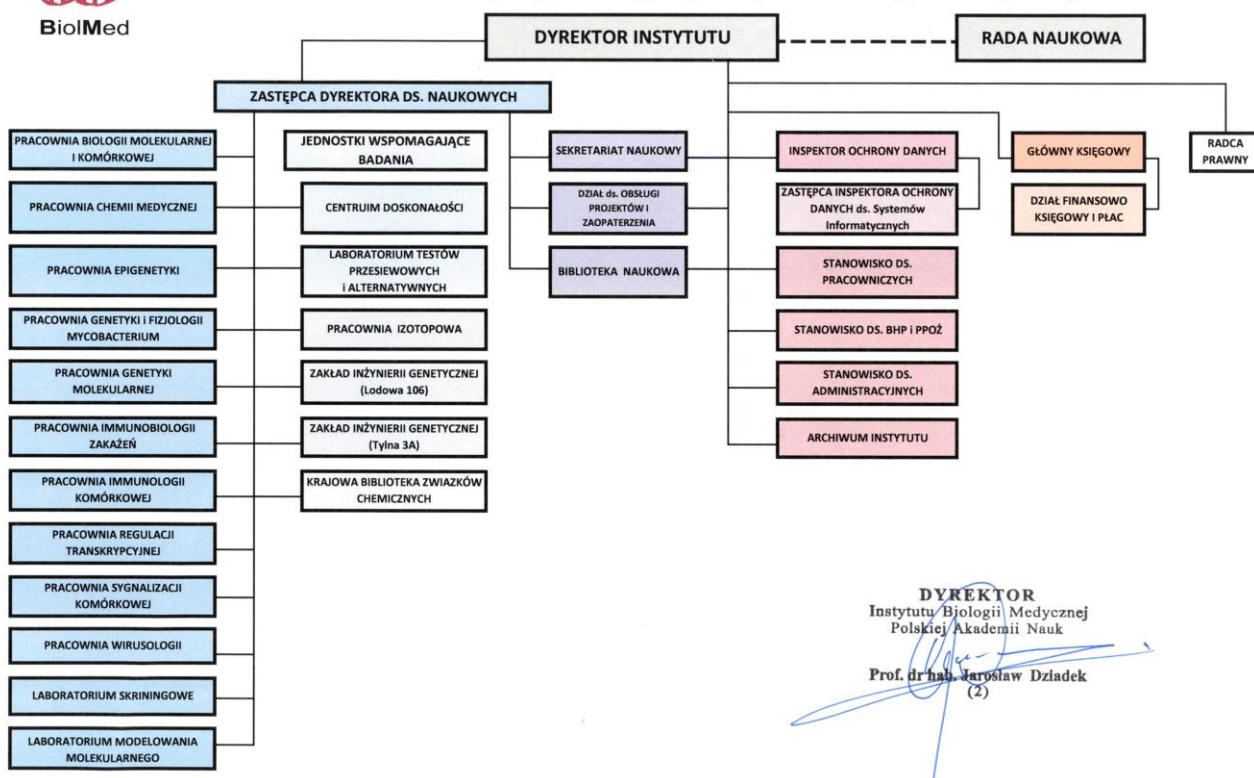
Obszar badań dotyczący Instytutu Biologii Medycznej PAN to „**Wydajna ochrona zdrowia i wzrost efektywności działań prozdrowotnych**” (badania mechanizmów powstawania, rozwój profilaktyki i diagnostyki oraz metod leczenia chorób cywilizacyjnych i infekcyjnych oraz szczególnie groźnych; rozwój farmakoterapii i badania nad lekoopornością; rozwój technologii dla bezpiecznej i prozdrowotnej żywności; rozwój i zastosowanie technologii informatycznych w naukach bio-medycznych).

Instytut Biologii Medycznej PAN wraz z Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN i Uniwersytetem Łódzkim utworzył i współprowadzi, począwszy od roku akademickiego 2019/2020, **Szkołę Doktorską BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi**, realizującą kształcenie w dyscyplinach: nauki biologiczne, nauki medyczne oraz nauki chemiczne. Liderem Szkoły jest Uniwersytet Łódzki.

Schemat organizacyjny IBM PAN



Załącznik Nr 2 do Statutu IBM PAN zatwierdzony przez Prezesa Polskiej Akademii Nauk: 27 września 2019 roku
Schemat struktury organizacyjnej Instytutu Biologii Medycznej PAN



DYREKTOR
 Instytutu Biologii Medycznej
 Polskiej Akademii Nauk
 Prof. dr hab. Jarosław Dziadek
 (2)

Prace badawcze Instytutu w 2021 r. prowadzone były w 10 pracowniach (stan zatrudnienia na dzień 31.12.2021 r.) oraz 3 laboratoriach:

Pracownia Biologii Molekularnej i Komórkowej (3 osoby)

Prof. dr hab. Magdalena Klink, Kierownik Pracowni,

Dr Michał Kielbik

Dr Izabela Szulc-Kielbik

Profesor

Adiunkt

Asystent

Pracownia Chemii Medycznej (5 osób) w tym 1 na urlopie bezpłatnym

Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski, Kierownik Pracowni,

Dr Katarzyna Bednarska- Szczepaniak

Mgr Krzysztof Śmiałkowski (urlop bezpłatny 01.10.2019-10.11.2022)

Mgr inż. Aleksandra Kierozalska (do dnia 31.08.2021)

Mgr inż. Agata Kraj

Inż. Dorota Borowiecka (od dnia 15.12.2021)

Inż. Paulina Wadecka (1/2 eatu do dnia 10.08.2021)

Profesor

Adiunkt

Chemik – pracownik inżynierski i techniczny

Asystent na dzień 31.12.2021 w LS

Chemik – pracownik inżynierski i techniczny

Administrator Baz Danych - pracownik inżynierski i techniczny

Administrator Baz Danych - pracownik inżynierski i techniczny

Stypendyści realizujący granty w ramach umów stypendialnych:

Mgr Daria Różycka (01.03.2020 -31.10.2022)

Mgr Sebastian Rykowski (01.03.2020 -31.10.2022)

Mgr Gabriela Gajek (19.05.2021-19.06.2022)

Mgr Lidia Żukowska (16.10.2019 -31.10.2022)

Mgr Krzysztof Śmiątkowski (11.10.2019 -31.10.2022) i doktorant w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi od 1.10.2019

Pracownia Epigenetyki (6 osób) w tym 1 na urlopie bezpłatnym

Dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN, Kierownik Pracowni, Profesor instytutu

Dr inż. Iwona Karwaciak (od 01.09.2021)

Mgr Kaja Karaś

Mgr Anna Sałkowska (urlop rodzicielski)

Mgr Joanna Pastwińska (od dnia 01.07.2021)

Dr Damian Krzyżanowski (urlop bezpłatny do 31.01.2023)

Adiunkt

Asystent

Asystent

Biolog - pracownik inżyneryjny i techniczny
Specjalista biolog – pracownik badawczo-techniczny

Stypendyści realizujący granty w ramach umów stypendialnych:

Damian Nowak (02.11.2020-30.09.2022)

Mgr Joanna Pastwińska (31.01.2021-31.03.2022)

Mgr inż. Katarzyna Chalasiwicz (01.04.2022- 28.02.2023) doktorantka w Interdyscyplinarnej Szkole Doktorskiej Politechniki Łódzkiej

Pracownia Genetyki i Fizjologii *Mycobacterium* (9 osób) w tym 1 na urlopie bezpłatnym)

Prof. dr hab. Jarosław Dziadek, Kierownik Pracowni, Dyrektor Profesor

Dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN

Dr Małgorzata Korycka-Machała

Dr Renata Płocińska

Dr Przemysław Płociński (1/4 etatu)

Dr Alina Minias

Dr Jakub Pawełczyk

Dr Anna Rumijowska-Galewicz (urlop bezpłatny .04.2022)

Mgr Ewelina Lechowicz od dnia 01.04-2021

Profesor instytutu

Adiunkt

Adiunkt

Adiunkt

Adiunkt

Adiunkt

Asystent

Biolog pracownik inżyneryjny i techniczny

Asystent

Dr Ewelina Błaszczuk - rozwiązanie umowy o pracę z dniem do 17.05.2021

Stypendyści realizujący granty w ramach umów stypendialnych:

Mgr Ewelina Lechowicz (1.10.2018 -31.03.2021)

Mgr Daria Zygała (12.11.2021 -30.09.2025) – doktorantka w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Mgr Filip Gąsior (07.10.2020 -30.09.2023) – doktorant w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Mgr Agnieszka Knast (24.11.2020 -30.09.2024) – doktorantka w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Mgr Lidia Żukowska - doktorantka w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Pracownia Genetyki Molekularnej (3 osoby)

Prof. dr hab. Paweł Parniewski, Kierownik Pracowni, Profesor

Dr inż. Marta Majchrzak

Dr inż. Anna Bogumiła Kubiak-Szeligowska

Asystent

Asystent

Pracownia Immunobiologii Zakazań (5 osób)

Prof. dr hab. Maciej Cedzyński, Kierownik Pracowni,

Prof. dr hab. Anna Świerzko

Dr Agnieszka Szala-Poździej (7/8 etatu)

Mgr Gabriela Gajek

Mgr inż. Dariusz Jarych (3/8 etatu)

Profesor

Profesor

Asystent

Asystent

Biolog - pracownik
inżynieryjny i techniczny

Pracownia Immunologii Komórkowej (4 osoby)

Prof. dr hab. Jarosław Dastych, Kierownik Pracowni,

Zastępca Dyrektora

Dr hab. Waldemar Wagner, prof. IBM PAN

Dr Aurelia Walczak-Drzewiecka

Mgr Michał Różański

Profesor

Adiunkt

Adiunkt

Biotechnolog - pracownik
inżynieryjny i techniczny

Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej (4 osoby)

Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN, Kierownik Pracowni,

Dr Dawid Grzela

Dr Leonadro De Souza Martin (od 24.05.2021)

Mgr Maciej Studzian (od 20.09.2021)

Dr inż. Iwona Karwaciak do 31.08.2021

Profesor instytutu

Adiunkt

Asystent

Biolog - pracownik
badawczo-techniczny

Adiunkt

Stypendiści realizujący granty w ramach umów stypendialnych:

Leila Khani Khouzani (29.11.2021 – 31.03.2024) doktorantka w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Pracownia Sygnalizacji Komórkowej (7 osób)

Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN, Kierownik Pracowni

Prof. dr hab. M. Anna Kowalska, *urlop bezpłatny*

Dr Jakub Kryczka

Dr Izabela Papiewska-Pająk

Dr Patrycja Przygodzka

Dr Hassan Kassassir

Mgr Kamila Soboska (od 01.10.2021)

Profesor instytutu

Profesor

Adiunkt

Adiunkt

Adiunkt

Asystent

Biolog – pracownik
inżynieryjny i techniczny.

Stypendiści realizujący granty w ramach umów stypendialnych:

Mgr Kamila Soboska (02.10.2017 – 31.03.2021)

Mgr Ewelina Sochacka (02.10.2017 – 31.03.2021)

Pracownia Wirusologii (3 osoby)

Dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN, Kierownik Pracowni,

Dr Katarzyna Kania

Mgr inż. Dariusz Jarych

Profesor instytutu

Adiunkt

Asystent

Stypendyści realizujący granty w ramach umów stypendialnych:

Mgr Daria Haręża (24.11.2020 -30.09.2022) doktorantka w Szkole Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Laboratorium Skriningowe Instytutu Biologii Medycznej PAN (4 osoby)

Dr hab. Agnieszka Olejniczak, prof. IBM PAN, Kierownik

Profesor instytutu

Laboratorium

Mgr Daria Różycka

Asystent

Mgr inż. Aleksandra Kierozalska (od 01.09.2021)

Asystent

Dr Marta Denel-Bobrowska

Mikrobiolog- pracownik
inż.ynieryjny i techniczny

Stypendyści realizujący granty w ramach umów stypendialnych: Mgr Sebastian Rykowski

Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii

Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN - Profesor instytutu– Kierownik Laboratorium

Laboratorium działające w ramach Centrum Doskonałości w Dziedzinie Biologii Medycznej, w znacznej mierze obsługiwane przez pracowników naukowych Pracowni Regulacji Transkrypcyjnej IBM PAN.

Laboratorium Modelowania Molekularnego IBM PAN (1 osoba)

Dr Rafał Bachorz (0,25 et.) – Specjalista – pracownik badawczo techniczny – Kierownik Laboratorium

Biblioteka naukowa

Instytut Biologii Medycznej PAN posiada bibliotekę naukową znajdującą się w budynku przy ul. Tylnej 3 (o powierzchni 68,48 m² z ogólnej powierzchni 470,5 m² przeznaczonej na funkcjonowanie Centralnej Biblioteki Placówek PAN w Łodzi) oraz przy ul. Lodowej 106 (pow. 67 m²). Biblioteka gromadzi literaturę fachową, głównie w języku angielskim, z następujących dziedzin: biochemia, alergologia, immunologia, farmakologia, neurologia, fizjologia i dziedziny pokrewne oraz biotechnologia, genetyka, wirusologia, mikrobiologia i chemia organiczna. Według stanu na dzień 31 grudnia 2021 r. zbiory obejmują 3 236 woluminów książek oraz 5 403 woluminów czasopism. W ramach ogólnokrajowych licencji biblioteka posiada dostęp do elektronicznej wersji ponad 1 615 bieżących tytułów czasopism naukowych konsorcjum Science Direct (Elsevier) oraz 181 tytułów czasopism archiwalnych, 2 235 tytułów czasopism bieżących konsorcjum Springer i 392 czasopism archiwalnych wraz z kolekcją książek elektronicznych i wydawnictw seryjnych, 1 405 czasopism konsorcjum Wiley oraz pakiet baz danych Web of Knowledge. Biblioteka Instytutu Biologii Medycznej PAN służy nie tylko pracownikom naukowym macierzystej instytucji, z jej zbiorów korzystają również studenci i pracownicy łódzkich uczelni i placówek naukowych. W ramach zamówień międzybibliotecznych, wiele unikatowych tytułów czasopism zagranicznych udostępnianych jest bibliotekom i zainteresowanym osobom z całej Polski.

Opiekunem biblioteki jest mgr Katarzyna Robowska.

Archiwum Zakładowe

W Instytucie Biologii Medycznej PAN działa Archiwum Zakładowe gromadzące także dokumentację zlikwidowanych placówek: Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN oraz Zakładu Amin Biogennych PAN. Opiekunem Archiwum jest mgr Katarzyna Robowska.

Pracownia Izotopowa

Instytut Biologii Medycznej PAN posiada Pracownię Izotopową klasy III znajdującą się w pomieszczeniach nr 14A i 14B w budynku przy ul. Tylnej 3A przeznaczoną do przeprowadzania testów na komórkach hodowanych *in vitro* z użyciem materiału radioaktywnego. W pracowni tej znajduje się licznik scyntylicyjny do mikroplętek model 1450-023. Zezwolenie nr D-16803 na pracę z materiałem radioaktywnym w tej pracowni Instytut otrzymał 07 kwietnia 2008 roku oraz zezwolenie nr D-18039 na przechowywanie odpadów promieniotwórczych powstałych w pracowni izotopowej, Instytut otrzymał 20 stycznia 2012 roku.

Od dnia 01 sierpnia 2018 roku nadzór nad pracownią sprawuje dr Przemysław Płociński pełniący funkcję inspektora. Dr Płociński posiada uprawnienia inspektora ochrony radiologicznej typu: IOR-1 Nr IOR/51/2018 wydane przez Prezesa Państwowej Agencji Atomistyki dnia 24.04.2018 r.

CENTRUM DOSKONAŁOŚCI W DZIEDZINIE BIOLOGII MEDYCZNEJ

Przy Instytucie Biologii Medycznej PAN zostało powołane Centrum Doskonałości w Dziedzinie Biologii Medycznej, któremu Ministerstwo Nauki i Informatyzacji nadało status Centrum Doskonałości uchwałą KBN nr 47/2004 z dnia 16 września 2004 r. (Dz. U. Nr 10, poz. 65).

Powołanie Centrum Doskonałości umożliwiło wspieranie i koordynację badań na trzech niezbędnych poziomach: badań aplikacyjnych, bezpośrednio związanych z zastosowaniem odkryć naukowych w medycynie, także w sektorze przemysłowym; badań podstawowych, czyli odkrywania prawidłowości przyrodniczych na poziomie molekularnym, komórkowym i organizmalnym; oraz badań technologicznych, pozwalających na opracowanie coraz lepszych narzędzi i technik badawczych. Dzięki utworzeniu Centrum Doskonałości możliwe było powołanie i uzyskanie finansowania „*Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii*” w ramach projektu WKP_1/1.4.3./2/2005/8/127/316.

LABORATORIUM TESTÓW PRZESIEWOWYCH I ALTERNATYWNYCH NA RZECZ BIOTECHNOLOGII, FARMACJI I KOSMETOLOGII Instytutu Biologii Medycznej PAN

Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii powstało w ramach projektu WKP_1/1.4.3./2/2005/8/127/316. Aparatura i urządzenia, które zakupiono w ramach tego projektu mogą być udostępniane użytkownikom zewnętrznym, tj. osobom niezatrudnionym w IBM PAN i innym podmiotom, na zasadach określonych w regulaminach obowiązujących w IBM PAN, w znacznej mierze obsługiwane przez pracowników naukowych Pracowni Regulacji Transkrypcyjnej IBM PAN.

Misją Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych jest opracowywanie i praktyczne wdrażanie nowych technik naukowych do zastosowań biotechnologicznych. W Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych uprawiane są dyscypliny naukowe (według klasyfikacji obowiązującej w 2020 roku): nauki medyczne, nauki biologiczne i nauki farmaceutyczne. Główne kierunki badawcze to: biosensory, nanotoksykologia molekularna i testy przesiewowe o wysokiej zawartości danych.

Od roku 2013 w ramach działalności Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii realizowana jest umowa pomiędzy firmą MABION S.A. z siedzibą w Kutnie a Instytutem Biologii Medycznej PAN na udostępnienie aparatury badawczej. Od roku 2017 w ramach działalności Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii realizowana jest umowa pomiędzy firmą Celther Diagnostics z siedzibą w Łodzi a Instytutem Biologii Medycznej PAN na

udostępnienie aparatury badawczej. Od roku 2018 w ramach działalności Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii realizowana jest umowa pomiędzy firmą Proteon Pharmaceuticals z siedzibą w Łodzi a Instytutem Biologii Medycznej PAN na udostępnienie aparatury badawczej. W latach 2014-2015 oraz 2016-2017 zrealizowano również umowy o udostępnienie aparatury badawczej LTPiA Uniwersytetowi Łódzkiemu.

Laboratorium wyposażone jest między innymi w (jedyną w Polsce o takich możliwościach) platformę do testów przesiewowych o wysokiej zawartości danych (high-content screening) ArrayScan VTi firmy Thermo Scientific Cellomics. Platforma ta pozwala między innymi na obrazowanie w czasie rzeczywistym parametrów fizjologicznych wszelkiego typu komórek hodowanych *in vitro*, wyposażona jest w możliwość obrazowania fluorescencyjnego i w świetle przechodzącym, a także pozwala na dodawanie badanych związków w trakcie analizy oraz na inkubacje długotrwałe w kontrolowanym środowisku gazowym. Jest to wielofunkcyjne urządzenie badawcze o podstawowym znaczeniu we współczesnej biologii eksperymentalnej, wykorzystywane w wielu projektach badawczych z zakresu biotechnologii (priorytetowej dziedziny nauki), w tym finansowanych ze środków SPO-WKP, POIG, EOG, POIR itp.

W 2021 roku w Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii IBM PAN realizowano zadanie badawcze pt.: „*Technologie badania bioaktywności związków halogenoorganicznych in vitro – ekspozycja i detekcja*”.

Nadzór nad działalnością Laboratorium sprawuje dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN.

LABORATORIUM SKRININGOWE Instytutu Biologii Medycznej PAN

Laboratorium Skринingowe Instytutu Biologii Medycznej PAN powstało w ramach realizacji projektu zamawianego częściowego będącego częścią grantu PBZ-MNiSW-07/I/2007 „Biofosforany oraz oligonukleotydy i ich kongenery, jako diagnostyki oraz leki nowej generacji”.

Głównym celem działania Laboratorium jest badanie wybranych właściwości fizykochemicznych i biologicznych związków chemicznych o potencjalnym działaniu terapeutycznym.

W Laboratorium prowadzone są badania zarówno związków otrzymywanych w Instytucie (Laboratorium Skринingowe, Pracownia Chemii Medycznej) jak i pochodzących z zewnątrz. Prowadzone badania realizowane są w ramach współpracy. Podejmowane są również działania mające na celu rozszerzenie zakresu aktywności Laboratorium oraz świadczenie usług również na zasadach komercyjnych.

W ramach działalności Laboratorium Skринingowego oznaczane są następujące właściwości fizykochemiczne związków chemicznych:

Badanie lipofilowości - w zależności od struktury badanej substancji stosuje się różne metody doświadczalne umożliwiające oznaczenie tej właściwości:

- a) metoda wytrąsania wyznaczenie współczynnika podziału (P) w układzie 1-oktanol/woda – jest najczęściej stosowanym parametrem do ilościowego opisu lipofilowości. (dla związków obojętnych),

- b) metoda z wykorzystaniem wysokosprawnej chromatografii cieczowej HPLC (dla związków obojętnych i zjonizowanych),
- c) metoda z wykorzystaniem RP-TLC (dla związków obojętnych i zjonizowanych),
- d) teoretyczne metody obliczeniowe wyznaczania parametrów charakteryzujących lipofilowość.

Badanie trwałości związków chemicznych w roztworach wodnych o różnym pH.

Badania trwałości związków chemicznych w osoczu krwi ludzkiej.

Badania rozpuszczalności związków chemicznych.

Badanie kinetyki uwalniania związków chemicznych z nośników polimerowych.

W 2021 roku w Laboratorium Skriningowym realizowano dwa tematy badawcze:

1. „*Badanie cytotoksyczności, aktywności przeciwwirusowej oraz właściwości fizykochemicznych związków chemicznych*”.
2. „*Synteza paklitakselu modyfikowanego klasterami boru*”.

Od października 2015 do marca 2021 roku Laboratorium realizowało projekt naukowy Nr 2014/15/B/NZ7/01002 przyznany przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu SONATA BIS pt.: „*Cząsteczki wiążące DNA - synteza właściwości interkalatorów DNA zawierających klaster boru*”.

Od lipca 2021 roku Laboratorium realizuje projekt naukowy Nr 2020/39/B/NZ7/01995 przyznany przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS 20 pt.: „*By stary lek znów skutecznym był - koniugaty izoniazyd/rifamycyny i klasterów boru - synteza i aktywność przeciwgruźlicza*”.

Kierownikiem Laboratorium Skriningowego jest dr hab. Agnieszka Olejniczak, prof. IBM PAN.

LABORATORIUM MODELOWANIA MOLEKULARNEGO Instytutu Biologii Medycznej PAN

Laboratorium Modelowania Molekularnego zostało powołane Zarządzeniem nr 5/2015 Dyrektora Instytutu i podjęło swoją działalność 15 kwietnia 2015 r.

Do zadań Laboratorium Modelowania Molekularnego należy prowadzenie komputerowo wspomaganých eksperymentów, obejmujących m.in. - wizualizację i optymalizację geometrii struktur przestrzennych związków; racjonalne projektowanie ligandów oraz symulację ich oddziaływań w kompleksach; analizę mechanizmów reakcji chemicznych oraz procesów rozpoznania molekularnego – na potrzeby wsparcia badań naukowych prowadzonych w IBM PAN w zakresie nauk biomedycznych. Działalność Laboratorium, zgodnie z założeniami przyczyniła się do poprawienia predykcji oraz interpretacji wyników badań doświadczalnych. Ponadto, Laboratorium będzie realizować własne projekty badawcze mające na celu zastosowanie istniejących metod do rozwiązywania szczegółowych problemów z pogranicza fizyki, chemii i biologii oraz rozwój własnych, nowatorskich instrumentów obliczeniowych.

Najważniejszym osiągnięciem Laboratorium Modelowania Molekularnego w 2015 roku było wytworzenie, zwalidowanie i przekazanie do wykorzystania narzędzia informatycznego pyECD, które wspiera pracę chemików organicznych w laboratorium chemicznym. Celem tego narzędzia jest zautomatyzowanie procesu oznaczania konfiguracji absolutnej związków chiralnych. Dzieje się to poprzez wytworzenie zestawu teoretycznych widm dichroizmu kołowego i ich późniejszą

konfrontację z widmem doświadczalnym. Kolejnym osiągnięciem jest podsumowanie prac na temat elektronowych stanów wzbudzonych cząsteczki tioketonu BPT.

Kierownikiem Laboratorium Modelowania Molekularnego IBM PAN jest dr Rafał Bachorz.

W 2021 roku w Laboratorium Modelowania Molekularnego IBM PAN, kontynuowano realizację zadania badawczego pt.: „Zastosowanie technik sztucznej inteligencji do przewidywania struktury chemicznej leku”.

Dr R. Bachorz od lutego 2020 roku jest wykonawcą w projekcie naukowym kierowanym przez dr hab. Marcina Ratajewskiego Nr 2019/33/B/NZ7/00795 w ramach programu NCN OPUS 17 pt. „Zastosowanie sztucznej inteligencji opartej na liczeniu maszynowym do poszukiwania nowych substancji modulujących aktywność RORgamma/RORgammaT”.

ZAKŁADY INŻYNIERII GENETYCZNEJ Instytutu Biologii Medycznej PAN

Zakłady Inżynierii Genetycznej w Instytucie Biologii Medycznej PAN zostały powołane zarządzeniem nr 22/2015 Dyrektora Instytutu z dnia 30 grudnia 2015 roku, w związku z prowadzeniem prac badawczych z zamkniętym użyciem GMM, zaliczanych od I do III kategorii zagrożenia dla zdrowia ludzi i środowiska na podstawie Ustawy z dnia 22 czerwca 2001 roku o mikroorganizmach i organizmach genetycznie zmodyfikowanych (Dz. U. z 2001. Nr 76 poz. 811 z późniejszymi zmianami).

Zakłady Inżynierii Genetycznej w Instytucie Biologii Medycznej PAN mieszczą się w ściśle określonych pomieszczeniach wraz ze znajdującymi się w nich urządzeniami w budynkach przy ul. Lodowej 106 i Tylnej 3A, które będą wykorzystywane podczas zamkniętego użycia mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych GMM.

Na kierownika Zakładu Inżynierii Genetycznej w budynku przy ul. Lodowej 106 została powołana dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN, a na kierownika Zakładu Inżynierii Genetycznej w budynku przy ul. Tylnej 3A został powołany dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN.

Instytut Biologii Medycznej PAN przy ul. Lodowej 106 uzyskał z Ministerstwa Środowiska:

- Decyzją nr 120/2016 z dnia 02 sierpnia 2016 roku bezterminowe zezwolenie na prowadzenie Zakładu Inżynierii Genetycznej, w którym ma być prowadzone zamknięte użycie mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych zaliczanych do II kategorii zagrożenia;
- Decyzją nr 121/2016 z dnia 02 sierpnia 2016 roku bezterminowe zezwolenie na prowadzenie Zakładu Inżynierii Genetycznej, w którym ma być prowadzone zamknięte użycie mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych zaliczanych do III kategorii zagrożenia;
- Decyzją Nr 122/2016 z dnia 02 sierpnia 2016 roku bezterminowe zezwolenie na prowadzenie Zakładu Inżynierii Genetycznej, w którym ma być prowadzone zamknięte użycie mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych zaliczanych do I kategorii zagrożenia,

Zakłady Inżynierii Genetycznej Instytutu Biologii Medycznej PAN zostały wpisane do Rejestru Zakładów Inżynierii Genetycznej pod numerem 04-83/2016.

Osobą odpowiedzialną za bezpieczeństwo zamkniętego użycia mikroorganizmów genetycznie zmodyfikowanych (GMM) w Instytucie Biologii Medycznej PAN jest mgr inż. Barbara Krzemieniewska.

KRAJOWA BIBLIOTEKA ZWIĄZKÓW CHEMICZNYCH

Instytut Biologii Medycznej PAN będąc liderem konsorcjum w ramach, którego realizowane jest przedsięwzięcie pt.: POL-OPENSREEN Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej jest w trakcie tworzenia Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych oraz centralnej Biblioteki Związków EU-OPENSREEN ERIC.

Głównymi celami przedsięwzięcia jest utworzenie Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych (KBZCh) oraz konsolidacja polskiego potencjału w zakresie badań przesiewowych i poszukiwań nowych związków aktywnych biologicznie. W roku 2021 finalizowano zakupy aparatury i budowanie zaplanowanej infrastruktury w trzech instytucjach partnerskich Instytut Biologii Medycznej (IBM PAN) - lider, Instytut Chemii Bioorganicznej (ICHB PAN), Instytut Biochemii i Biofizyki (IBB PAN).

KBZCh zapewnia możliwość deponowania związków chemicznych syntetyzowanych w ośrodkach akademickich. W pierwszej fazie planowane jest stworzenie kolekcji ok. 10 000 związków i udostępnianie jej do testów biologicznych. Wyniki badań zgromadzone w bazie danych będą dostępne dla wszystkich zainteresowanych instytucji naukowych i przemysłu na uzgodnionych zasadach zapewniających własność intelektualną zainteresowanych stron.

W dniu 28 października 2021 r. IBM PAN oraz Uniwersytet Medyczny w Łodzi podpisały porozumienie o współpracy tj. „Umowę Przekazania Związków”, która reguluje zasady przekazywania związków do Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych (KBZCh), kierowanej przez prof. dr hab. Zbigniewa Leśnikowskiego. Umowa ta pozwoli na udostępnianie przez zainteresowane jednostki Uniwersytetu Medycznego w Łodzi związków chemicznych o potencjalnej aktywności biologicznej do badań przesiewowych za pośrednictwem KBZCh.



ZATRUDNIENIE w 2021 roku

Stan zatrudnienia na dzień 31 grudnia 2021 roku

Wynosi: ogółem 67 osób na 64,54 etatu

Pracownicy prowadzący działalność naukowo-badawczą ogółem 54 osoby

w tym:

8 profesorów (w tym: 1 osoby na urlopie bezpłatnym)

7 doktorów habilitowanych, prof. IBM PAN (w tym: dla 1 osoby IBM PAN jest drugim –m-cem pracy);

25 doktorów (w tym: 2 osoby na urlopie bezpłatnym;)

w tym: 14 osób na stanowisku adiunkta;

7 osób na stanowisku asystenta;

2 osoby na stanowiskach badawczo-technicznych(w tym: 1 osoba na urlopie bezpłatnym;)

2 osoby na stanowiskach inżynierskich i technicznych nieprowadzących działalności naukowej (w tym: 1 osoba na urlopie bezpłatnym;)

13 magistrów

w tym: 6 osób na stanowisku asystenta

6 osób na stanowiskach inżynierskich i technicznych nieprowadzących działalności naukowej

1 osoba na stanowisku badawczo-technicznym

1 inżynier na stanowisku inżynierskim i technicznym, nieprowadzący działalności naukowej

Pozostali pracownicy ogółem - 10 osób

w tym: 3 osoby – pracownicy dokumentacji i informacji naukowej (w tym: 1 osoba – pracownik biblioteczny/ archiwista;

7 osób – pracownicy organizacyjno-finansowi i administracyjni

Liczba osób na stanowiskach obsługi: ogółem 3 osoby

Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty*:

Liczba ogółem 56,60 w tym naukowych 38,80.

Liczba pracowników ogółem (w przeliczeniu na pełne etaty), którzy do dnia 31 grudnia 2021 r. złożyli oświadczenie, o którym mowa w art. 265 ust. 5 z dnia 20 lipca 2018 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, upoważniające do zaliczenia do liczby pracowników prowadzących działalność naukową w danej dyscyplinie, do tzw. liczby „N”

N - 52,49

z tego w następujących dyscyplinach naukowych:

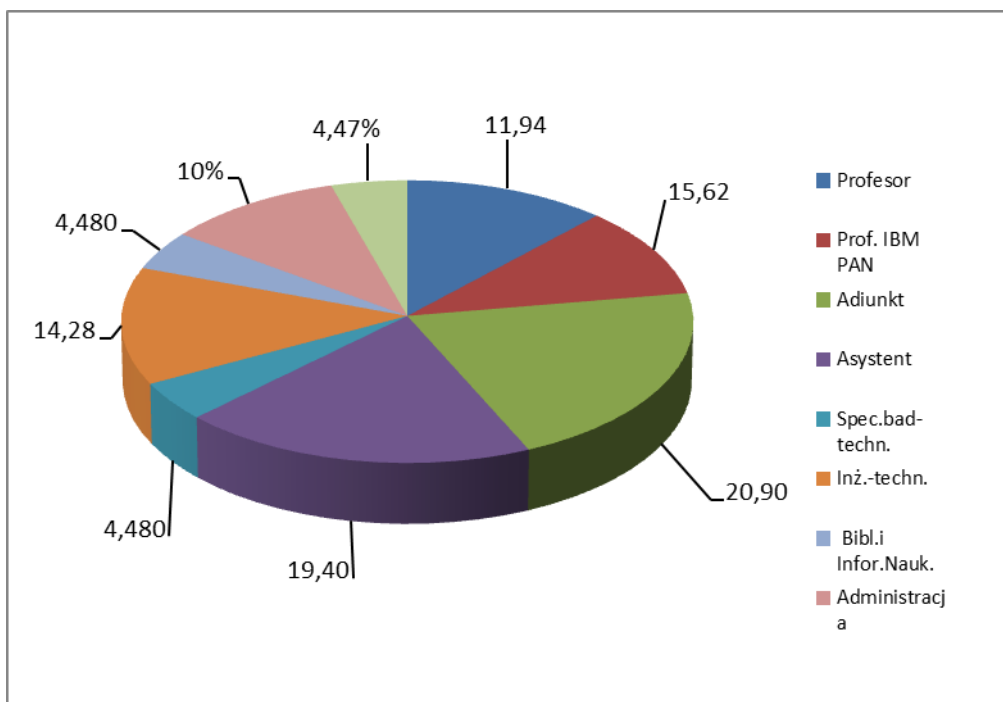
nauki medyczne 34,055

nauki biologiczne 9,935

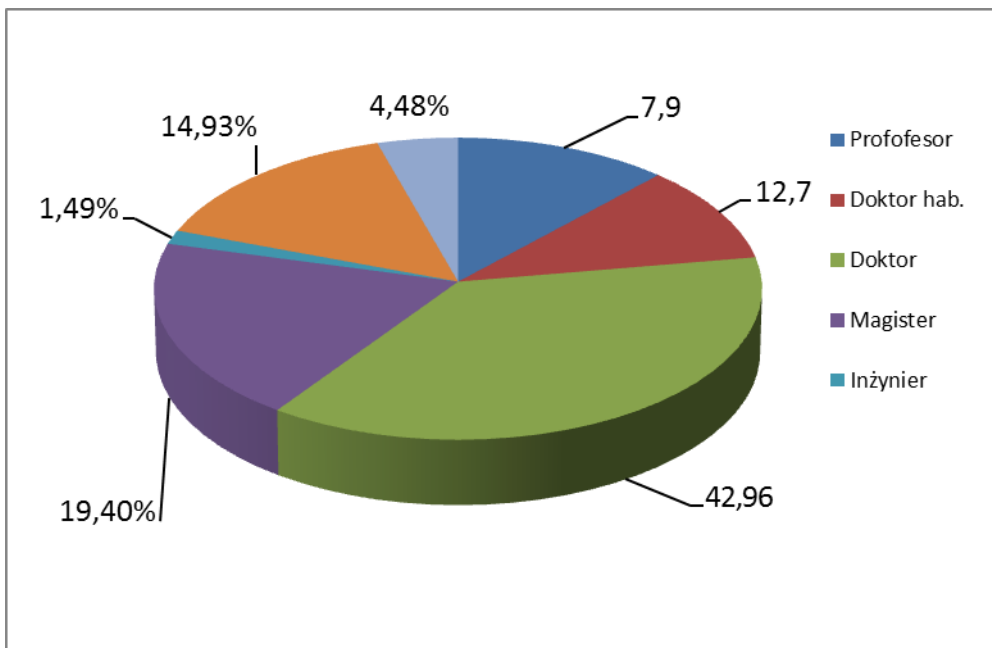
nauki chemiczne 2,750

nauki farmaceutycznych 5,750

Zatrudnienie w IBM PAN wg stanowisk na dzień 31.12.2021



Zatrudnienie w IBM PAN wg tytułów i stopni naukowych na dzień 31.12.2021



Działania Instytutu Biologii Medycznej PAN na rzecz walki z epidemią SARS-Cov-2.

Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk w związku z sytuacją epidemiczną oraz potrzebami uruchomienia diagnostyki zakażeń koronawirusem SARS-CoV-2, już w marcu 2020 roku wsparł organizację i funkcjonowanie laboratorium wirusologicznego utworzonego w Centrum Kliniczno-Dydaktycznym Uniwersytetu Medycznego w Łodzi. Nowe laboratorium powstało w trybie pilnym dzięki współpracy specjalistów z łódzkiego środowiska naukowego, w tym Instytutu Biologii Medycznej PAN, Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego, firmy Proteon Pharmaceuticals S.A. Laboratorium rozpoczęło działalność dnia 23 marca 2020 r., a jego kierownikiem został prof. dr hab. n. med. Maciej Borowiec z Uniwersytetu Medycznego w Łodzi. Instytut Biologii Medycznej PAN wraz z pozostałymi instytucjami wyposażył uruchomione laboratorium w niezbędny sprzęt, specjalistów w zakresie mikrobiologii, biologii molekularnej i wirusologii oraz uczestniczył w opracowaniu procedur diagnostycznych i bezpieczeństwa.

Pracownicy naukowcy Instytutu Biologii Medycznej PAN zaangażowali się dobrowolnie w ten projekt i do dzisiaj stanowią ważną część zespołu laboratorium. W pracach laboratorium na różnych stanowiskach specjalistycznych uczestniczy 12 pracowników naszego Instytutu, którzy wykonują analizy w trybie zmianowym.

Ponadto Instytut Biologii Medycznej, wraz z firmą Proteon Pharmaceuticals, utworzył we wrześniu 2020 roku w oparciu o laboratoria BSL-3 znajdujące się w budynku Instytutu, Laboratorium Centrum Diagnostyki Molekularnej Patogenów Proteon Pharmaceuticals S.A w Łodzi, które uzyskało akredytację Krajowej Izby Diagnostów Laboratoryjnych i wpisane zostało na listę laboratoriów diagnostycznych COVID-19 prowadzoną przez Ministra Zdrowia. Laboratorium to wykonuje testy pozwalające na wykrycie zakażeń COVID-19 dla pracowników firm i osób prywatnych. Diagnostyka w kierunku koronawirusa SARS-CoV-2 wykonywana jest z zastosowaniem rekomendowanej przez WHO techniki genetycznej RT-PCR, która jest najskuteczniejszym sposobem na wykrycie obecności wirusa SARS-CoV-2 w organizmie.

Począwszy od dnia 23 października 2020 roku rozpoczęto w IBM PAN bezpłatne, rutynowe testowanie (testy przeprowadzane są w odstępach 2 tygodniowych) wszystkich pracowników, a także doktorantów i magistrantów IBM PAN, testami RT-PCR w systemie przesiewowym na obecność wirusa SARS-CoV-2, co pozwoliło na monitorowanie stanu epidemicznego w IBM PAN oraz na szybką reakcję i zapobieganie rozprzestrzenianiu się ewentualnych zakażeń na terenie Instytutu. Test przesiewowy RT-PCR został opracowany wspólnie przez pracowników Instytutu i firmę Proteon Pharmaceuticals.

W marcu 2021 uruchomiono genotypowanie wirusów nCov-2 w ramach wspólnego przedsięwzięcia IBM PAN, WBiOŚ UŁ, Proteon Pharmaceuticals S.A. i UMed.

W momencie pojawienia się pandemii w Polsce funkcjonowanie Instytutu zostało uregulowane Zarządzeniem nr 2/2020 z dnia 9 marca 2020 roku Dyrektora IBM PAN zmierzającym do przeciwdziałania rozprzestrzenianiu się zakażeń przenoszonych drogą kropelkową (w tym Covid-19) wśród pracowników Instytutu Biologii Medycznej PAN. Zarządzenie to zobowiązywało wszystkich pracowników, stypendystów, doktorantów, zleceniobiorców przebywających na terenie budynków IBM PAN do bezwzględного przestrzegania zasad higieny i stosowania się do zaleceń Głównego

Inspektora Sanitarnego. Ponadto umożliwiała osobom mającym objawy przeziębienia, lub mającym kontakt z takimi osobami wykonywanie pracy zdalnej, poza budynkami IBM PAN. W Instytucie ograniczono również spotkania, wyjazdy, zajęcia dla doktorantów oraz inne aktywności pracowników w kraju i zagranicą, wyłącznie do sytuacji, które były niezbędne do zapewnienia prawidłowego funkcjonowania Instytutu.

Wraz ze wzrostem ilości zakażeń w dniu 26 marca 2020 roku, Dyrektor IBM PAN wydał kolejne zarządzenie nr 3/2020 w sprawie zasad funkcjonowania Instytutu Biologii Medycznej PAN w związku z zagrożeniem epidemicznym rozprzestrzeniania się wirusa SARS-CoV-2, którym ograniczono wstęp do budynków IBM PAN do minimum niezbędnego do podstawowego funkcjonowania Instytutu. Pracownicy naukowcy oddelegowani zostali do pracy w systemie zdalnym, a pracownicy administracyjni i obsługi oraz pracownicy naukowcy, których obecność w Instytucie była konieczna wykonywali swoje obowiązki w systemie pełnienia dyżurów zgodnie z częstotliwością i godzinami pracy ustalonymi przez bezpośrednich przełożonych.

W dniu 1 czerwca 2020 roku na podstawie Rozporządzenia Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 21 maja 2020 r. w sprawie czasowego ograniczenia funkcjonowania instytutów naukowych Polskiej Akademii Nauk w związku z zapobieganiem, przeciwdziałaniem i zwalczaniem COVID-19 Zarządzeniem nr 8/2020 z dnia 1 czerwca 2020 roku Dyrektor Instytutu uchylił nakaz pracy zdalnej, zobowiązując pracowników do zachowania reżimu sanitarnego (1,5 metra odległości pomiędzy stanowiskami), a jeśli jego uzyskanie było niemożliwe praca taka odbywała się na zasadzie rotacyjnej. W pomieszczeniach administracyjnych dla zwiększenia bezpieczeństwa zainstalowano dodatkowo na stanowiskach pracy przesłony z pleksi. Przy wejściu do budynków Instytutu zainstalowano dezynfektanty z zaleceniem dezynfekcji rąk każdej osobie wchodzącej do budynku. Zalecono ograniczenie spotkań do tych, które są bezwzględnie konieczne dla zapewnienia prawidłowego funkcjonowania Instytutu a pracowników przebywających w częściach wspólnych zobowiązano do używania maseczek. Osobom mającym objawy przeziębienia, lub mającym kontakt z takimi osobami do czasu powrotu do zdrowia zalecono wykonywanie pracy zdalnej, poza miejscem jej stałego wykonywania.

W związku z licznymi pytaniami dotyczącymi pandemii napływającymi do Polskiej Akademii Nauk, dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN, wraz z dr hab. Egbertem Piaseckim z Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda PAN we Wrocławiu opracowali odpowiedzi na zagadnienia dotyczące koronawirusa SARS-CoV-2, które zostały opublikowane na stronie internetowej Polskiej Akademii Nauk.

W 2021 roku pracownicy Instytutu Biologii Medycznej PAN za udział w walce z pandemią zostali uhonorowani odznaczeniami państwowymi: dr hab. Edyta Paradowska – Srebrnym Krzyżem Zasługi oraz prof. dr hab. Jarosław Dziadek i prof. dr hab. Jarosław Dastyk Brązowymi Krzyżami Zasługi. W uzasadnieniu tego wyróżnienia wskazywano na zasługi naszych naukowców w stworzeniu w Centralnym Szpitalu Klinicznym, Pracowni Wirusów Oddechowych, laboratorium diagnostycznego, które w krytycznym momencie rozwijającej się epidemii przeprowadzało większość badań wykrywających SARS-Cov-2 w województwie łódzkim.

Laboratorium powstało w rekordowo krótkim czasie dzięki wielkiemu wysiłkowi zespołu ochotników z: Centralnego Szpitala Klinicznego UMED, Instytutu Biologii Medycznej PAN, Proteon Pharmaceuticals S.A., Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska UŁ.

Sprawozdania
z realizacji zadań statutowych
w 2021 roku

Zadania badawcze realizowane w ramach działalności statutowej Instytutu Biologii Medycznej PAN w roku 2021

(finansowane z subwencji na 2021 rok na podstawie wniosków Pracowni / Laboratoriów Instytutu kierowanych do Dyrektora Instytutu Biologii Medycznej PAN o zamieszczenie zadań badawczych w planie zadaniowo-finansowym Instytutu na rok 2021 zatwierdzony Uchwałą Rady Naukowej IBM PAN nr 4 z dnia 26.11.2020 r. i zaktualizowany Uchwałą nr 1 z dnia 13.04. 2021 r.)

KONTYNUOWANE ZADANIA BADAWCZE

Numer zadania	Tytuł zadania	Kierownik	Okres realizacji	Koszt zadania ¹
Nr 1	Nowe bionanomateriały dla diagnostyki medycznej i terapii Pracownia Chemii Medycznej	Prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski	01.01.2021	81 207,06 zł
(T-37)			31.12.2021	
Nr 2	Synteza i badania nowych związków chemicznych o potencjalnej aktywności biologicznej. Pracownia Chemii Medycznej	Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski	01.01.2021	65 139,97 zł
(T-87)			31.12.2021	
Nr 3	Modelowanie i badanie na poziomie molekularnym oddziaływań pochodnych adenozyiny z receptorami purynowymi. Pracownia Chemii Medycznej	Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski	01.01.2021	112 103,77 zł
(T-86)			31.12.2021	
Nr 4	Ocena zdolności prątków gruźlicy do modyfikacji oksysteroli komórki gospodarza Pracownia Genetyki i Fizjologii <i>Mycobacterium</i>	Prof. dr hab. Jarosław Dziadek	01.01.2021	757 401,51 zł
(T-88)			31.12.2021	
Nr 5	Bioinformatyczne analizy filogenetyczne genomów bakteryjnych na podstawie zróżnicowania liczebności, rozmieszczenia i typów sekwencji DNA pomiędzy mikrosatelitarnymi sekwencjami trójnukleotydowymi. Pracownia Genetyki Molekularnej	Dr hab. Paweł Parniewski, prof. IBM PAN	01.01.2021	178 030,96 zł
(T-47)			31.12.2021	
Nr 6	Praktyczne zastosowanie wybranych fragmentów lub zestawów fragmentów DNA dla analiz epidemiologicznych i filogenetycznych wybranych drobnoustrojów. Pracownia Genetyki Molekularnej	Dr hab. Paweł Parniewski, prof. IBM PAN	01.01.2021	177 790,27 zł
(T-51)			31.12.2021	
Nr 7	Powstawanie i aktywność struktur migracyjnych w komórkach nowotworowych. Pracownia Sygnalizacji Komórkowej	Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN	01.01.2021	313 399,95 zł
(T-74)			31.12.2021	
Nr 8	Polimorfizm genów kodujących TLR w zakażeniach wirusowych. Pracownia Wirusologii	Dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN	01.01.2021	358 602,80 zł
(T-44)			31.12.2021	
Nr 9	Mechanizmy molekularne zakażeń wirusem brodawczaka ludzkiego. Pracownia Wirusologii	Dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN	01.01.2020	192 516,61 zł
(T-75)			31.12.2020	
Nr 10	Zastosowanie technik sztucznej inteligencji do przewidywania struktury chemicznej leku. Laboratorium Modelowania Molekularnego	Dr Rafał Bachorz	01.01.2020	22 134,86 zł
(T-83)			31.12.2020	
Nr 11	Badanie cytotoksyczności, aktywności przeciwwirusowej oraz właściwości fizykochemicznych związków chemicznych. Laboratorium Skringowe	Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN	01.01.2021	115 196,26 zł
(T-92)			31.12.2021	
Nr 12	Interakcja komórek tucznych z wybranymi elementami mikrobiomu w warunkach in vitro. Pracownia Immunologii Komórkowej	Prof. dr hab. Jarosław Dastych	01.01.2021	517 134,58 zł
(T-90)			31.12.2021	

¹ - na okres realizacji

NOWE ZADANIA BADAWCZE

Numer zadania	Tytuł zadania	Kierownik	Okres realizacji	Koszt zadania ¹
Nr 13	Badania rozpoznawcze wybranych reakcji enzymatycznych związków zawierających klaster boru Pracownia Chemii Medycznej	Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski	01.01.2021	79 987,75 zł
(T-94)			31.12.2021	
Nr 14	Ocena interakcji komórek raka jajnika z makrofagami w kontekście „ucieczki” immunologicznej i chemiooporności raka jajnika. Pracownia Biologii Molekularnej i Komórkowej	Prof. dr hab. Magdalena Klink	01.01.2021	417 482,13 zł
(T-95)			31.12.2021	
Nr 15	Analiza oddziaływań białek strukturalnych wirusa SARS-CoV-2 z wybranymi elementami układu immunologicznego człowieka. Pracownia Epigenetyki	Dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN	01.01.2021	356 969,69 zł
(T-96)			31.12.2021	
Nr 16	Badanie znaczenia lektyny wiążącej mannozę (MBL) w podatności na zakażenia noworodków urodzonych przedwcześnie. Pracownia Immunobiologii Zakażeń	Prof. dr hab. Maciej Cedzyński, prof. IBM PAN	01.01.2021	563 723,41 zł
(T-97)			31.12.2021	
Nr 17	Transkrypcyjne aspekty immunotoksyczności związków halogenoorganicznych stosowanych w przemyśle i gospodarstwie domowym. Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej	Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN	01.01.2021	310 797,29 zł
(T-98)			31.12.2021	
Nr 18	Technologie badania bioaktywności związków halogenoorganicznych <i>in vitro</i> – ekspozycja i detekcja. Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii	Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN	01.01.2021	8 784,66 zł
(T-99)			31.12.2021	
Nr 19	Wpływ mikrośrodowiska guza na ekspresję i rodzaj zmian potranslacyjnych receptora chemokinowego CXCR4 w komórkach raka jelita grubego oraz w wydzielanych przez te komórki pęcherzykach zewnątrzkomórkowych. Pracownia Sygnalizacji Komórkowej	Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN	01.01.2021	307 727,80 zł
(T-100)			31.12.2021	
Nr 20	Synteza paklitakselu modyfikowanego klasterami boru. Laboratorium Skriningowe	Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN	01.01.2021	153 068,58 zł
(T-101)			31.12.2021	

¹ - na okres realizacji

INNE ZADANIA

Numer zadania	Tytuł zadania	Kierownik	Okres realizacji	Koszt zadania ¹
Nr 1	Upowszechnianie nauki poprzez finansowanie publikacji oraz udziału w konferencjach naukowych (Z-1)	Prof. dr hab. Jarosław Dziadek	01.01.2021	21 011,74 zł
			31.12.2021	
Nr 2	Komerjalizacja wyników badań naukowych i prac rozwojowych (Z-2)	Prof. dr hab. Jarosław Dziadek	01.01.2021	45 494,15 zł
			31.12.2021	

¹ - na okres realizacji

Razem koszty zadań realizowanych w 2021 roku	5 155 705,80 zł
---	------------------------

Sprawozdania z realizacji poszczególnych zadań badawczych realizowanych w 2021 roku w IBM PAN

KONTYNUOWANE

1. Tytuł zadania: **Nowe bionanomateriały dla diagnostyki medycznej i terapii.**
Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski
2. Tytuł zadania: **Synteza i badania nowych związków chemicznych o potencjalnej aktywności biologicznej.**
Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski
3. Tytuł zadania: **Modelowanie i badanie na poziomie molekularnym oddziaływań pochodnych adenozyliny z receptorami purynowymi.**
Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski
4. Tytuł zadania: **Ocena zdolności prątków gruźlicy do modyfikacji oksysteroli komórki gospodarza**
Pracownia Genetyki i Fizjologii *Mycobacterium* - Kierownik: Prof. dr hab. Jarosław Dziadek
5. Tytuł zadania: **Bioinformatyczne analizy filogenetyczne genomów bakteryjnych na podstawie zróżnicowania liczebności, rozmieszczenia i typów sekwencji DNA pomiędzy mikrosatelitarnymi sekwencjami trójnukleotydowymi.**
Pracownia Genetyki Molekularnej - Kierownik: Prof. dr hab. Paweł Parniewski
6. Tytuł zadania: **Praktyczne zastosowanie wybranych fragmentów lub zestawów fragmentów DNA dla analiz epidemiologicznych i filogenetycznych wybranych drobnoustrojów.**
Pracownia Genetyki Molekularnej - Kierownik: Prof. dr hab. Paweł Parniewski
7. Tytuł zadania: **Powstawanie i aktywność struktur migracyjnych w komórkach nowotworowych.**
Pracownia Sygnalizacji Komórkowej - Kierownik: Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN
8. Tytuł zadania: **Polimorfizm genów kodujących TLR w zakażeniach wirusowych.**
Pracownia Wirusologii - Kierownik: Dr hab. n. med. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN
9. Tytuł zadania: **Mechanizmy molekularne zakażeń wirusem brodawczaka ludzkiego**
Pracownia Wirusologii - Kierownik: Dr hab. n. med. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN
10. Tytuł zadania: **Zastosowanie technik sztucznej inteligencji do przewidywania struktury chemicznej leku.**
Laboratorium Modelowania Molekularnego - Kierownik: Dr Rafał Bachorz
11. Tytuł zadania **Badanie cytotoksyczności, aktywności przeciwwirusowej oraz właściwości fizykochemicznych związków chemicznych.**
Laboratorium Skринingowe - Kierownik: Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN
12. Tytuł zadania: **Interakcja komórek tucznych z wybranymi elementami mikrobiomu w**

warunkach in vitro.

Pracownia Immunologii Komórkowej - Kierownik: Prof. dr hab. Jarosław Dastyk

NOWE

13. Tytuł zadania: **Badania rozpoznawcze wybranych reakcji enzymatycznych związków zawierających klaster boru**
Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski
14. Tytuł zadania: **Ocena interakcji komórek raka jajnika z makrofagami w kontekście „ucieczki” immunologicznej i chemiooporności raka jajnika.**
Pracownia Biologii Molekularnej i Komórkowej - Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Klink
15. Tytuł zadania: **Analiza oddziaływań białek strukturalnych wirusa SARS-CoV-2 z wybranymi elementami układu immunologicznego człowieka.**
Pracownia Epigenetyki - Kierownik: Dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN
16. Tytuł zadania: **Badanie znaczenia lektyny wiążącej mannozę (MBL) w podatności na zakażenia noworodków urodzonych przedwcześnie**
Pracownia Immunobiologii Zakażeń - Kierownik: Prof. dr hab. Maciej Cedzyński
17. Tytuł zadania: **Transkrypcyjne aspekty immunotoksyczności związków halogenoorganicznych stosowanych w przemyśle i gospodarstwie domowym.**
Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej - Kierownik: dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN
18. Tytuł zadania: **Technologie badania bioaktywności związków halogenoorganicznych *in vitro* – ekspozycja i detekcja**
Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii - Kierownik: dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN
19. Tytuł zadania: **Wpływ mikrośrodowiska guza na ekspresję i rodzaj zmian potranslacyjnych receptora chemokinowego CXCR4 w komórkach raka jelita grubego oraz w wydzielanych przez te komórki pęcherzykach zewnątrzkomórkowych**
Pracownia Sygnalizacji Komórkowej - Kierownik: Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN
20. Tytuł zadania: **Synteza paklitakselu modyfikowanego klasterami boru.**
Laboratorium Skringowe - Kierownik: Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN

INNE ZADANIA- realizowane w ramach działalności statutowej Instytutu Biologii Medycznej PAN w 2021 rok

1. Tytuł: **Upowszechnianie nauki poprzez finansowanie publikacji oraz udziału w konferencjach naukowych.**
Kierownik zadania: prof. dr hab. Jarosław Dziadek
2. Tytuł: **Komercjalizacja wyników badań naukowych i prac rozwojowych**
Kierownik zadania: prof. dr hab. Jarosław Dziadek

KONTYNUOWANE ZADANIA BADAWCZE

OPIS ZADAŃ KONTYNUOWANYCH

Zadanie Nr 1

Tytuł zadania: **Nowe bionanomateriały dla diagnostyki medycznej i terapii.** (T-37)

Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski

Wykonawcy: prof. dr hab. Zbigniew J. Lesnikowski 40%; mgr inż. Krzysztof Śmiałkowski 70% (url. bezpł.);

Cel pracy. Celem pracy jest opracowanie nowych metod oligofunkcjonalizacji klasterów boru, które zostaną wykorzystane, jako bloki budulcowe do otrzymania nowego typu nanocząsteczek będących konjugatami klasterów boru i DNA-oligomerów. Głównym obiektem badań jest oligofunkcjonalizacja *orto*-karboranu ($C_2B_{10}H_{12}$) oraz metalokarboranu $[Co(1,2-C_2B_9H_{10})_2]$ (Cosan).

Opis zrealizowanych prac. W przypadku oligofunkcjonalizacji karboranów, jako związek modelowy wykorzystano *orto*-karboran ($C_2B_{10}H_{12}$). Korzystając z literatury oraz wcześniejszych naszych badań opracowano i zoptymalizowano 3-etapową syntezę, dzięki której możliwe jest przyłączenie jednego, a nawet dwóch dodatkowych podstawników na atomach węgla do dwupodstawionego na atomach boru *orto*-karboranu. W pierwszym etapie syntezy otrzymano 9,12-dijodo-1,2-dikarba-closo-dodekarboran w reakcji *orto*-karboranu z jodem I_2 . Kolejnym etapem jest sprzężanie wcześniej przygotowanego bromku (3-(trytyloksy)propylo)magnezowego z 9,12-dijodo-1,2-dikarba-closo-dodekarboranem przy użyciu katalizatora palladowego typu $(PPh_3)_4Pd$ otrzymując 9,12-di(3-O-trytylprop-1-ylo)-1,2-dikarba-closo-undekkarboran. Ostatnim etapem jest reakcja z paraformaldehydem, przy użyciu fluorku tetrabutylamonowego (TBAF) w której otrzymano 1-(2-hydroksymetylo)-9,12-bis(3-O-trytyloprop-1-ylo)-1,2-dikarba-closo-undekkarboran oraz 1,2-bis(2-hydroksymetylo)-9,12-bis(3-O-trytyloprop-1-ylo)-1,2-dikarba-closo-undekkarboran. W przypadku oligofunkcjonalizacji metalokarboranu $[Co(1,2-C_2B_9H_{10})_2]$ (Cosan) zoptymalizowano przyłączenie grupy tiofosforanowej na atomach boru wraz z optymalizacją metody jej alkilowania. Przeprowadzono także pierwsze próby funkcjonalizacji na atomach węgla otrzymanych pochodnych w reakcji otwarcia eterów cyklicznych takich jak oksetan oraz tlenek etylenu przy użyciu *n*-butylolitu.

Opis ważniejszych osiągnięć. Najważniejszym osiągnięciem jest opracowanie oligofunkcjonalizacji karboranów w syntezie 1-(2-hydroksymetylo)-9,12-bis(3-O-trytyloprop-1-ylo)-1,2-dikarba-closo-undekkarboranu. Związek ten można wykorzystać bezpośrednio do otrzymania konjugatów klasterów boru i DNA-oligomerów, które stosowane są w opracowywaniu terapeutycznych kwasów nukleinowych. Szczególną uwagę należy zwrócić także na pierwsze badania dotyczące oligofunkcjonalizacji metalokarboranów, co jest nowością w chemii klasterów boru.

Wykorzystanie uzyskanych wyników. Rezultatem realizacji projektu jest wytworzenie wiedzy na temat metod otrzymywania i właściwości nowej klasy oligofunkcjonalizowanych klasterów boru i dostarczenie nowego typu bloków budulcowych dla bionanotechnologii o nowych, użytecznych a niedostępnych dotąd własnościach. Uzyskane wyniki rozpowszechniane będą w postaci doniesień konferencyjnych i publikacji.

Zadanie nr 2

Tytuł zadania: **Synteza i badania nowych związków chemicznych o potencjalnej aktywności biologicznej.** (T-87)

Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski

Wykonawcy: prof. dr hab. Zbigniew J. Lesnikowski 20%; dr Katarzyna Bednarska-Szczepaniak 10%; mgr inż. Krzysztof Śmiałkowski 20% (url. bezpl.)

W okresie sprawozdawczym prowadzono prace mające na celu podsumowanie wcześniejszych prac nad modyfikowanymi klasterami boru pochodnymi steroidów i związane ze współautorstwem publikacji Sedlák, D., Wilson, T.A., Tjarks, W., Radomska, H.S., Wang, H., Kolla, J.N., **Leśnikowski, Z.J.**, Špičáková, A., Ali, T., Ishita, K., Rakotondraibe, L.H., Vibhute, S., Wang, D., Anzenbacher, P., Bennett, C., Bartunek, P., Coss, C.C., Structure–Activity Relationship of *para*-Carborane Selective Estrogen Receptor β Agonists. *J. Med. Chem.*, **2021**, 64, 9330–9353.

Zadanie Nr 3

Tytuł zadania: **Modelowanie i badanie na poziomie molekularnym oddziaływań pochodnych adenozyiny z receptorami purynowymi.** (T-86)

Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski

Wykonawcy: prof. dr hab. Zbigniew J. Lesnikowski 10%; dr Katarzyna Bednarska-Szczepaniak 70%.

Cel pracy: Kontynuacja badań nad modelem molekularnym *in silico* oraz jego ewaluacja predykcyjna metodami chemometrii do projektowania i skringu selektywnych ligandów receptorów purynowych modyfikowanych klasterami boru.

Opis zrealizowanych prac: W zakresie metod dynamicznego dopasowania fleksybilnego liganda do receptora badano właściwości elektronowe metalokarboranu (zawierającego FeIII i FeII) oraz rotację klastrow w metalokarboranie. Przeprowadzono ewaluację metod DFT z funkcjami dyspersji (modelowanie oddziaływań w większej skali, >10 Å) oraz funkcjonalów hybrydowych i teoretycznych w programie Gaussian 16 oraz bez dyspersji w programie Hyperchem 7.51. Do symulacji rotacji zastosowano metody półempiryczne. Metody skoringowe dopasowania ligandów do receptora oparto na analizie drzew klasyfikacyjnych i regresyjnych, C&RT, w programie Statistica. Wyniki przygotowano do publikacji.

Opis najważniejszych osiągnięć: Opracowano metody *in silico* optymalizacji struktury metalokarboranu i rozkładu ładunku. Uzyskano charakterystyczny dla klastra hydrydowy charakter atomów H. Wyznaczony rozkład ładunku na atomach metalokarboranu wykorzystano do symulacji rotacji klastrow. Uzyskano wartości odpowiadające doświadczalnemu, kąt rotacji 144° , konformacje *transoidalną* i *gauche* w temperaturze otoczenia. Opracowano też metodę klasyfikacyjno-predykcyjną opartą na metodzie drzew klasyfikacyjnych i regresyjnych dla oddziaływań ligandów modyfikowanych klasterem boru z receptorem adenozyiny. Wyniki opublikowano.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Charakterystyka rozkładu ładunku i właściwości dynamiki rotacji klastrow metalokarboranu umożliwią uwzględnienie tych właściwości w oddziaływaniach z docelowym białkiem receptorowym i większą precyzję obliczeń. Metody skoringowe klasyfikacji aktywnych i nieaktywnych ligandów posłużą do projektowania nowych syntez. W kolejnym etapie rezultaty badań doświadczalnych zostaną porównane z wynikami skoringowymi ligandów o znanych strukturach zawierających ugrupowania chemiczne istotne dla oddziaływań ligand – receptor adenozyiny.

Zadanie Nr 4

Tytuł zadania: **Ocena zdolności prątków gruźlicy do modyfikacji oksysteroli komórki gospodarza.** (T-88)

Pracownia Genetyki i Fizjologii *Mycobacterium* - Kierownik: Prof. dr hab. Jarosław Dziadek

Wykonawcy: prof. dr hab. Jarosław Dziadek 80%; dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN – 100%; dr Małgorzata Korycka-Machala – 100%; dr Jakub Pawełczyk – 100%; dr Renata Płocińska – 100%; dr Alina Minias 100%; dr Anna Rumijowska-Galewicz (urlop bezpł.)

Cel pracy: Rosnąca liczba doniesień naukowych wskazuje na związek między szlakami sygnałowymi odpowiedzi immunologicznej oraz metabolizmem steroli i kwasów tłuszczowych. Produkty pośrednie biosyntezy cholesterolu i ich utlenione metabolity (oksysterole) mogą wykazywać aktywność regulatorów odpowiedzi zapalnej. Rozpoczęte badania mają na celu próbę zbadania zdolności cholesterolu oraz jego produktów degradacji do zarówno bezpośredniej aktywności przeciwpłatkowej jak i zdolności immunomodulacyjnych w infekcji gruźliczej. Ponadto przedmiotem badań będzie potencjalna zdolność Mtb do modyfikacji steroli gospodarza w celu przeciwdziałania odpowiedzi immunologicznej komórek.

Opis zrealizowanych prac: W ramach realizacji zadania badawczego prowadzona jest analiza zdolności prątków gruźlicy do metabolizmu 25-hydroxycholesterolu i witaminy D3 oraz potwierdzenie możliwości transportu tych związków do komórki drobnoustroju na tej samej drodze jak w przypadku cholesterolu tj. poprzez ATP-zależny transport związany z białkami operonu *mce4*. W tym celu szczep dziki *M. tuberculosis* oraz mutanty: pozbawione genów kodujących permeazę systemu transportu (*mce4*) lub transporterów AB (*supAB*) hodowano na podłożu bogatym (7H9/OADC) z dodatkiem 25-hydroxycholesterolu lub witaminy D3. W „0” oraz „312” godzinie hodowli z pobranych komórek bakteryjnych metodą Bligh-Dyer ekstrahowano sterole. Ekstrakty poddane będą analizie LCMS (chromatografia cieczowa ze spektrometrią mas) wobec deuterowanego standardu 25-hydroksycholesterolu. Ponadto planowana jest analiza ilościowa potencjalnych zmian w profilu oksysteroli makrofagów ludzkich w wyniku infekcji prątkiem gruźlicy. W tym celu z hodowli makrofagów infekowanych *M. tuberculosis* ekstrahowano sterole i profil typowych oksysteroli: 25-hydroksycholesterolu, 24(R/S)-hydroksycholesterolu, 27-hydroksycholesterolu, oraz 7 α -hydroksycholesterolu zostanie zdeterminowany wobec deuterowanych wzorców metodą LCMS. Ponadto zostanie przeprowadzona analiza zdolności wykorzystania 25-hydroksycholesterolu (25OHChol) i witaminy D3 (VitD3) jako jedynego źródła węgla przez komórki *M. tuberculosis*. W tym celu zostały wykorzystane hodowle szczepu dzikiego *M. tuberculosis* oraz jego mutantów pozbawionych funkcjonalnych genów *mce4*, *supAB* i *kstD* (gen kodujący dehydrogenazę 3-ketosteroidową) na podłożu mineralnym z dodatkiem 25OHChol lub VitD3.

W ramach zadania badawczego badano również odpowiedź komórki prątka gruźlicy na cholesterol w postaci niezmodyfikowanej, który, jak potwierdzono w naszych wcześniejszych badaniach, wykorzystywany jest przez prątki jako źródło węgla i energii. Analiza polegała na opisanu zmian w transkrypcji prątka gruźlicy pod wpływem zmiany jedynego źródła węgla z glicerolu na cholesterol. W celu jak najdokładniejszego zobrazowania potencjalnych zmian w metabolizmie *M. tuberculosis* analizę porównawczą poszerzono o mutanta *M. tuberculosis* z zablokowanym szlakiem metyloizocytrynianowym. Badano także wpływ suplementacji podłoża wzrostowego witaminą B12, będącą kofaktorem enzymów szlaku metylomalonylowego.

Opis najważniejszych osiągnięć: W ramach realizacji zadania badawczych opracowano metodę izolacji steroli z komórki prątka gruźlicy oraz metodę ich analizy jakościowej i ilościowej. Opracowane metody pozwoliły na uzyskanie materiału do obecnie wykonywanych analiz chromatograficznych.

Globalna analiza transkryptomu prątka gruźlicy umożliwiła dokładne prześledzenie procesów metabolicznych towarzyszących wykorzystaniu cholesterolu jako jedynego źródła węgla i energii. Udowodniła, iż zmiany w komórce prątka pod wpływem cholesterolu daleko wykraczają poza metabolizm podstawowy i dotyczą również wielu aspektów związanych z przygotowaniem komórki do wejścia w fazę latencji. Wspomniane wyniki opisane zostały w publikacji: *Pawelczyk, J., Brzostek, A., Minias, A., Płociński, P., Rumijowska-Galewicz, A., Strapagiel, D., Zakrzewska-Czerwińska, J., & Dziadek, J. (2021). Cholesterol-dependent transcriptome remodeling reveals new insight into the contribution of cholesterol to Mycobacterium tuberculosis pathogenesis. Scientific reports, 11(1), 12396.*

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Uzyskane wyniki wykorzystane zostaną do potwierdzenia lub wykluczenia zdolności prątka gruźlicy do modyfikacji steroli gospodarza i pozwolą na określenie ich możliwej roli jako regulatorów odpowiedzi zapalnej.

Zadanie nr 5

Tytuł zadania: **Bioinformatyczne analizy filogenetyczne genomów bakteryjnych na podstawie zróżnicowania liczebności, rozmieszczenia i typów sekwencji DNA pomiędzy mikrosatelitarnymi sekwencjami trójnukleotydowymi.** (T-47)

Pracownia Genetyki Molekularnej - Kierownik: prof. dr hab. Paweł Parniewski

Wykonawcy: prof. dr hab. Paweł Parniewski – 50%; dr inż. Marta Majchrzak – 50%; dr inż. Anna Kubiak- Szeligowska – 50%.

W ramach realizacji tego zadania badawczego przeprowadzono ostateczną weryfikację programu pozwalającego na • wynajdywanie w badanych genomach trójnukleotydowych sekwencji powtórzonych (TRS) oraz • ekstrakcję sekwencji pomiędzy wybranymi motywami TRS. Przygotowany wcześniej manuskrypt, opisujący szczegółowo architekturę programu oraz przykładową analizę porównawczą dwóch genomów *E. coli*, został wysłany do publikacji. W pracy wykazano użyteczność stosowanego podejścia, w którym zastosowanie programu TRS-omix w połączeniu z innymi narzędziami IT (Vector NTI oraz analizami BLAST N (megablast), pozwoliło na wytypowanie 8 sekwencji DNA specyficznych dla patotypu ExPEC oraz 13 sekwencji DNA specyficznych dla patotypu IPEC. Sekwencje te mogą stanowić w przyszłości podstawę do opracowania testu multipleks-PCR typującego a także różnicującego szczepy należące do badanych patotypów.

Zadanie nr 6

Tytuł zadania: **Praktyczne zastosowanie wybranych fragmentów lub zestawów fragmentów DNA dla analiz epidemiologicznych i filogenetycznych wybranych drobnoustrojów.** (T-51)

Pracownia Genetyki Molekularnej - Kierownik: prof. dr hab. Paweł Parniewski

Wykonawcy: prof. dr hab. Paweł Parniewski – 50%; dr inż. Marta Majchrzak – 50%; dr inż. Anna Kubiak- Szeligowska – 50%.

W ramach realizacji zadania wykonano:

A. Analizę kolekcji szczepów *P. aeruginosa*. Zastosowaliśmy analizę MLVA z wykorzystaniem dziewięciu typów VNTR połączoną z typowaniem TRS-PCR (dwa markery). Badanie izolatów *P. aeruginosa* ujawniło, że podczas przewlekłych infekcji bakteryjnych pacjenci z mukowiscydozą są nosicielami różnych szczepów *P. aeruginosa* u tego samego żywiciela na przestrzeni lat. Różnorodność genotypów *P. aeruginosa* może być konsekwencją zakażenia kilkoma szczepami, ale może również wynikać z procesu mikroewolucji pierwotnie nabytego szczepu. Narzędzia do typowania DNA, zwłaszcza MLVA w połączeniu z TRS-PCR, mogą odgrywać ważną rolę w rutynowym nadzorze epidemiologicznym transmisji u pacjentów z mukowiscydozą. Uzyskane wyniki zostały opublikowane w Scientific Reports.

B. Określono profile VNTR-MIRU oraz profile IS900 i IS901 dla 50 próbek wyizolowanych ze zmian nekrotycznych w węzłach chłonnych u trzody chlewnej z różnych gospodarstw w Polsce. Uzyskane wyniki wykazały, że patogeny grupy *Mycobacterium Avium Complex* stanowiły czynnik etiologiczny obserwowanych zmian. Wykazano korelacje występowania identycznych profili w tych samych gospodarstwach. Pomimo tego, że prątki o takich profilach genetycznych, jak dotychczas nie zostały wyizolowane od ludzi, nie można wykluczyć ich potencjału zoonotycznego i dalsze badania powinny być przeprowadzone w szerszej skali. Przygotowany manuskrypt został wysłany do publikacji.

Zadanie Nr 7

Tytuł zadania: **Powstawanie i aktywność struktur migracyjnych w komórkach nowotworowych.** (T-74)

Pracownia Sygnalizacji Komórkowej - Kierownik: dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN

Wykonawcy: dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN – 50%; prof. dr hab. Maria Anna Kowalska – 50%; dr Jakub Kryczka – 50%; dr Izabela Papiewska-Pajak – 50%; dr Patrycja Przygodzka – 50%, mgr Kamila Soboska 100% - od 01.10.2021.

Cel pracy: Oporność nowotworów na stosowane leki od wielu lat stanowi poważne wyzwanie dla lekarzy i naukowców. Przeciwdziałanie jej skutkom, prowadzić może do zwiększenia szansy na przeżycie pacjentów. Najnowsze dane potwierdziły udział transporterów ABC w regulacji migracji komórek o fenotypie mezenchymalnym.

Opis zrealizowanych prac: Nasze wyniki pokazały, że komórki linii RJG, które wykazują fenotyp mezenchymalny są wrażliwe na blokowanie białka ABCC4 i wykazują wyższe tempo migracji w obecności inhibitora MK571 oraz irynotekanu (substrat dla tranportera ABCC4). Ponadto wykazaliśmy, że białko ABCC4 jest zaangażowane w regulację migracji komórek zależną od cyklicznych nukleotydów. Nasze wyniki potwierdzają hipotezę, że stosowanie inhibitorów ABC może doprowadzić do zwiększenia potencjału migracyjnego komórek RJG w zależności od fenotypu, a w efekcie, po okresie reemisji, do powstawania przerzutów. **Wykorzystanie uzyskanych wyników:** Otrzymane wyniki zostały opublikowane w czasopiśmie *Cancers* oraz stanowiły podstawę przygotowania wniosku do NCN.

Zadanie Nr 8

Tytuł zadania: **Polimorfizm genów kodujących TLR w zakażeniach wirusowych.** (T-44)

Pracownia Wirusologii - Kierownik: dr hab. n. med. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN

Wykonawcy: dr hab. n. med. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN – 50%; dr Katarzyna Kania – 50%; mgr Dariusz Jarych – 50%.

Cel pracy: badanie częstości występowania zmienności genetycznej wybranych receptorów rozpoznających wzorce molekularne patogenów (PRR) u osób z zakażeniami wirusowymi, w tym SARS-CoV-2, oraz wpływu zmienności na przebieg choroby. Endosomalne receptory TLR 3, -7 i -8 uczestniczą w rozpoznawaniu wirusów RNA, przy czym TLR 7 i -8 rozpoznają ssRNA. Dotychczas brak jest jednoznacznych danych o wpływie polimorfizmów w genach kodujących receptory rozpoznające SARS-CoV-2 na przebieg zakażenia. W 2021 r. określono częstości występowania polimorfizmów w genach kodujących *TLR3* (rs3775291 i rs3775296) oraz *TLR7* (rs179008 i rs5741880) u osób hospitalizowanych z powodu ciężkiego przebiegu COVID-19.

Opis zrealizowanych prac: próbki krwi pełnej od pacjentów zakażonych SARS-CoV-2 otrzymano z Kliniki Chorób Zakaźnych i Hepatologii Uniwersytetu Medycznego w Łodzi. DNA z krwi izolowany był za pomocą zautomatyzowanego systemu QIAcube, firmy Qiagen. Oceny polimorfizmów dokonywano za pomocą metody PCR-RFLP, z zastosowaniem następujących enzymów restrykcyjnych: rs3775291 – HpyF3I, rs3775296 – MboII, rs179008 – XapI, rs5741880 – Hpy188I. Rozdział elektroforetyczny otrzymanych fragmentów został przeprowadzony za pomocą zautomatyzowanej elektroforezy kapilarnej Qiaxcel, firmy Qiagen.

Opis najważniejszych osiągnięć: dotychczasowe wyniki wskazują, że pacjentów z ciężkim przebiegiem COVID-19 częściej występują niektóre mutacje *TLR*. Badania będą kontynuowane ze względu na konieczność wykonania analiz na większej grupie badawczej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: wyniki realizacji zadania badawczego posłużyły w 2021 roku do opublikowania artykułów oryginalnych (badania przeprowadzone w latach 2018-2020):

Jabłońska A, Jabłonowska E, Studzińska M, Kamerys J, Paradowska E. The TLR9 2848C/T Polymorphism Is Associated with the CMV DNAemia among HIV/CMV Co-Infected Patients. *Cells* 2021, 10(9):2360.

Jabłońska A, Zagrapan B, Paradowska E, Neumayer C, Eilenberg W, Brostjan C, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. Abdominal aortic aneurysm and virus infection: a potential causative role for cytomegalovirus infection? *J Med Virol* 2021, 93(8):5017-5024.

Zadanie Nr 9

Tytuł zadania: **Mechanizmy molekularne zakażeń wirusem brodawczaka ludzkiego.** (T-75)

Pracownia Wirusologii - Kierownik: dr hab. n. med. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN

Wykonawcy: dr hab. n. med. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN – 50%; dr Katarzyna Kania – 50%; mgr Dariusz Jarych – 50%.

Cel pracy: Zbadanie poziomu ekspresji wybranych miRNA w tkance guza i surowicy kobiet z nabłonkowym rakiem jajnika w przypadkach zakażenia wirusem brodawczaka ludzkiego (HPV) i braku zakażenia wirusowego. Dotychczas nie wiadomo, czy obecność wirusów w guzach ma wpływ na profile ekspresji miRNA wykrywane w przypadkach nabłonkowego raka jajnika .

Opis zrealizowanych prac: W badaniu uwzględniono materiał kliniczny w postaci wycinków guza i próbek surowicy od pacjentek z rakiem jajnika. Grupę badawczą stanowiły przypadki z zakażeniem HPV16 i/lub HPV18, natomiast grupę kontrolną – pacjentki z rakiem jajnika bez stwierdzonego zakażenia HPV. Izolację całkowitego RNA, w tym miRNA, z surowicy przeprowadzono przy użyciu zestawu miRNeasy Serum/Plasma Advanced Kit, natomiast z tkanki guza raka jajnika przy użyciu zestawu miRNeasy Micro Kit (Qiagen). Po izolacji miRNA przeprowadzono odwrotną transkrypcję. MiRNA poddano poliadenylacji z wykorzystaniem polimerazy poli(A) i odwrotnej transkrypcji do cDNA przy użyciu starterów oligo-dT ze zdegenerowanym końcem 3', które umożliwiają amplifikację dojrzałego miRNA w etapie PCR w czasie rzeczywistym. Do syntezy cDNA użyto zestawu miRCURY LNA RT Kit (Qiagen). Syntetyczny miRNA UniSp6 został użyty, jako kontrola pozytywna syntezy cDNA. Ekspresję 11 miRNA określono metodą PCR w czasie rzeczywistym (QuantStudio5, ThermoFisher Scientific). Do normalizacji użyto miRNA: U6 snRNA oraz SNORD48. Względą kwantyfikację miRNA przeprowadzono metodą porównawczą deltaCt.

Opis najważniejszych osiągnięć: określono ekspresję 9 wybranych miRNA: miR-9-5p, miR-15-5p, miR-21-5p, miR-25-5p, miR-34a-5p, miR-191-5p, miR-200a-3p, miR-203a-3p i miR-218-5p w guzach i surowicy otrzymanych z przypadków raka jajnika.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: otrzymane wyniki posłużą do przygotowania artykułu naukowego i zgłoszenia konferencyjnego.

Zadanie Nr 10

Tytuł zadania: Zastosowanie technik sztucznej inteligencji do przewidywania struktury chemicznej leku. (T-83)

Laboratorium Modelowania Molekularnego -Kierownik: dr Rafał Bachorz

Wykonawcy: dr Rafał Bachorz – 100%

1. Zastosowanie podejść chemoinformatycznych do projektu cząsteczek pochodnych kwasu ursolowego jako biologicznie aktywnych ligandów receptora ROR γ . Badanie eksperymentalne i teoretyczne serii kwasów – analogów kwasu ursolowego – doprowadziło do wskazania cząsteczek, które rzeczywiście są biologicznie aktywne (praca wysłana w grudniu 2021).
2. Wytworzenie modelu predykcyjnego aktywności biologicznej ligandów ROR γ , opublikowanie wersji ogólnodostępnej (na razie w ramach sieci IBM PAN) aplikacji webowej, która pozwala na realizację predykcji dla dowolnych cząsteczek w formie kodów SMILES (praca w przygotowaniu).

Zadanie Nr 11

Tytuł zadania Badanie cytotoksyczności, aktywności przeciwwirusowej oraz właściwości fizykochemicznych związków chemicznych. (T-92)

Laboratorium Skринingowe - Kierownik: dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN

Wykonawcy: dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN – 50 %; mgr Daria Różycka – 50%

Cel pracy: identyfikacja nowych związków o dobrych parametrach fizykochemicznych takich jak m.in. lipofilowość, rozpuszczalność, stabilność w środowisku chemicznym i biologicznym oraz

charakteryzujących się aktywnością przeciwwirusową wobec wybranych wirusów oraz niską cytotoksycznością wobec prawidłowych linii komórkowych.

Opis zrealizowanych prac: Oznaczenie lipofilowości (log P, log D) związków otrzymywanych w Laboratorium Skriningowym IBM PAN jak również związków chemicznych otrzymanych w laboratoriach współpracujących z Laboratorium Skriningowym, z wykorzystaniem metody wytrąsania woda-oktanol oraz RP-HPLC. Określenie wpływu wprowadzonej modyfikacji na wartość log P/log D oraz aktywność biologiczną związku chemicznego. Wykorzystanie testu PAMPA (*Parallel Artificial Membrane Permeability Assay*) do oceny biodostępności związków chemicznych, w warunkach *in vitro*, z wykorzystaniem błony fosfolipidowej, w oparciu o transport bierny. Organizacja i rozwój biobanku linii komórkowych celem ich wykorzystania do oceny cytotoksyczności związków chemicznych jak i prowadzenia hodowli wirusowych. Przygotowany biobank obejmuje m.in. linie komórkowe: Vero (ATCC, CCL-81), MRC-5 (ATCC, CCL-171), HeLa (ATCC, CCL-2), A549 (ATCC, CCL-185). Prowadzono hodowle wirusów: Human Adenovirus 5 (ATCC, VR-5), Human Herpes simplex virus 1 (ATCC, VR-539), Human Parainfluenza virus 3 (ATCC, VR-93), Human Herpesvirus 5 (ATCC, VR-977), Encephalomyocarditis virus (ATCC, VR-1763). Zbadano ok. 70 związków chemicznych otrzymanych w: Laboratorium Skriningowym IBM PAN, Wydziale Chemii UŁ, Wydziale Chemicznym PW, Wydziale Chemicznym UŚ.

Opis najważniejszych osiągnięć: W wyniku analizy fizykochemicznej, oceny cytotoksyczności oraz aktywności przeciwwirusowej związków zidentyfikowano kilka związków o dobrych parametrach fizykochemicznych i biologicznych, które będą poddane dalszym modyfikacjom struktury.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: część otrzymanych wyników zamieszczono w abstraktach konferencyjnych związanych z 63. Zjazdem Naukowym Polskiego Towarzystwa Chemicznego. W trakcie przygotowania są manuskrypty publikacji opisujące otrzymane wyniki.

Zadanie Nr 12

Tytuł zadania: **Interakcja komórek tucznych z wybranymi elementami mikrobiomu w warunkach *in vitro*.** (T-90)

Pracownia Immunologii Komórkowej - Kierownik: prof. dr hab. Jarosław Dastych

Wykonawcy: prof. dr hab. Jarosław Dastych – 80%; dr hab. Waldemar Wagner prof. IBM PAN – 100%; dr Aurelia Walczak-Drzewiecka 100%; mgr Michał Różański 100%.

Mikrobiom jest istotny dla odporność organizmów wyższych na infekcje bakteryjne. Bakteriofagi są naturalnym elementem mikrobiomu i znajdują się nie tylko w układzie pokarmowym, ale również we krwi, limfie i narządach wewnętrznych. Ich oddziaływanie z bakteriami jest jednym z mechanizmów ochronnego przeciwbakteryjnego działania mikrobiomu. Sądzymy, że dwa aspekty obecności bakteriofagów w mikrobiomie, a mianowicie ich rola w kontrolowaniu liczby bakterii w organizmie i w wykrywaniu przez układ odpornościowy zagrożeń wymaga szeroko zakrojonych badań. W roku 2021 skoncentrowano się na poszukiwaniu efektów lizy komórek bakteryjnych przez bakteriofagi na komórki tuczne. Wiadomo, że powstające w wyniku wywoływanej przez bakteriofagi lizy komórek bakteryjnych cienie komórkowe są wysoce immunogenne. Naszą hipotezą roboczą była zdolność produktów wywoływanej przez bakteriofagi lizy bakteryjnej do zmiany ekspresji genetycznej komórek tucznych. W serii eksperymentów zastosowano model *in vitro*

interakcji pomiędzy ludzkimi komórkami tucznymi, bakteriami *S. aureus* i bakteriofagami swoistymi dla tych bakterii. Ekspresję genetyczną w komórkach tucznych badano za pomocą RT-PCR w czasie rzeczywistym. Ekspozycja komórek tucznych na bakterie indukowała ekspresję prozapalnych cytokin IL-13, TNF i chemokiny CCL3 oraz integryny ITGA1. Jednoczesna ekspozycja komórek tucznych na bakterie i lityczne fagi nie powodowała indukcji ekspresji tych prozapalnych genów. Co ciekawe, same bakteriofagi pobudzały ekspresję cytokiny IL-1beta, chemokiny CCL5 i integryny ITGAV.

OPIS ZADAŃ NOWYCH

Zadanie nr 13

Tytuł zadania: **Badania rozpoznawcze wybranych reakcji enzymatycznych związków zawierających klastry boru.** (T-94)

Pracownia Chemii Medycznej - Kierownik: prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski

Wykonawcy: prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski 30%; dr Katarzyna Bednarska-Szczepaniak 20%; mgr inż. Krzysztof Śmiałkowski 10% (url. bezpł).

Cel prac. Celem badań było wstępne rozpoznanie roli klastra boru w przemianach enzymatycznych modyfikowanych biocząsteczek oraz wpływu modyfikacji klastrami boru na proces katalizy enzymatycznej.

Opis zrealizowanych prac. W celu zbadania roli powinowactwa klastra boru do białek na enzymatyczne przemiany substratów enzymatycznych modyfikowanych klastrami boru porównaliśmy hydrolizę enzymatyczną katalizowaną przez esterazę wątroby wieprzowej (PLE) klinicznie stosowanego proleku przeciw cytomegalowirusowi walacycyklowiru (VACV) i otrzymanego w naszym Laboratorium Odpowiednik VACV zawierający klastry boru zamiast modyfikacji waliną ZL-1032/MBP. Wyniki były zgodne z hipotetyczną rolą klastra boru jako rodzaju kotwicy utrzymującej cząsteczki substratu blisko powierzchni białka, ułatwiając rozszczepienie enzymatyczne. Rzeczywiście, czas półtrwania proleku ACV modyfikowanego klastrami boru w obecności PLE był prawie dziesięciokrotnie krótszy niż zmierzony dla VACV ($t_{1/2}$ VACV = 237 min., $t_{1/2}$ ZL-1032/MBP = 26 min.) To, wraz z faktem, że VACV powoli rozkłada się w fizjologicznym pH (bufor fosforanowy pH 7,2)[15], a klastry boru zawierający prolek ACV ZL-1032/MBP jest stabilny w tych warunkach wyraźnie wskazuje, że różnica szybkości hydrolizy obu związków wynika z różnicy szybkości reakcji enzymatycznej, a nie hydrolizy chemicznej. Obserwacje te ilustrują korzystne właściwości proleku zawierającego klastry boru i jego prawdopodobnie wyższą biodostępność niż VACV.

Opis najważniejszych osiągnięć. Cennym wynikiem przeprowadzonych badań jest wykazanie, że modyfikacja znanych leków klastrami boru może polepszyć ich właściwości biologiczne i potencjał terapeutyczny.

Wykorzystanie uzyskanych wyników. Te i inne uzyskane wyniki badań wstępnych będą podstawą przygotowywanego wniosku grantowego.

Zadanie nr 14

Tytuł zadania: **Ocena interakcji komórek raka jajnika z makrofagami w kontekście „ucieczki” immunologicznej i chemiooporności raka jajnika.** (T-95)

Pracownia Biologii Molekularnej i Komórkowej - Kierownik: prof. dr hab. Magdalena Klink

Wykonawcy: *prof. dr hab. Magdalena Klink – 100%; dr Michał Kielbik – 100%; dr Izabela Szulc-Kielbik – 100%.*

Cel pracy: Makrofagi stanowią główną populację komórek odpornościowych mikrośrodowiska guza jajnika. Ich głównym źródłem są napływające z krwioobiegu monocyty, które w odpowiedzi na różnorodne czynniki uwalniane przez komórki nowotworowe i komórki zrębu ulegają polaryzacji do fenotypu przeciwnowotworowego M1 lub pronowotworowego M2. Obecne w mikrośrodowisku guza jajnika komórki rakowe są wysoce heterogenne i charakteryzują się różnym stopniem inwazyjności, jak również pierwotną wrażliwością lub opornością na pochodne platyny. Jednakże nie ma potwierdzonych informacji wskazujących czy charakter (oporność, inwazyjność) komórek raka jajnika odgrywa istotną rolę w ich zdolności do polaryzacji monocytów/ makrofagów w kierunku M1 lub M2. Celem badań była ocena wpływu komórek linii raka jajnika (różniących się inwazyjnością i opornością na cisplatynę) na polaryzację monocytów i makrofagów niespolaryzowanych (M0) do fenotypu M1 lub M2.

Opis zrealizowanych prac: Do badań wykorzystano 3 linie komórkowe raka jajnika: wrażliwe na cisplatynę komórki linii A2780 i siostrzane, odporne na cisplatynę komórki linii A2780cis oraz odporne na cisplatynę i charakteryzujące się wysokim stopniem inwazyjności komórki SK-OV-3. Jako monocyty zastosowano komórki ludzkiej linii monocytarno-makrofagowej THP1. Makrofagi M0, uzyskano poprzez 24 godziną stymulację komórek THP1 estrem forbolu (PMA). Monocyty i makrofagi M0 hodowano przez 24, 48 lub 72 godziny z komórkami raka jajnika w/w linii (w stosunku 1:1) z zastosowaniem filtrów oddzielających obie populacje komórek. Zaproponowany model miał na celu stworzenie warunków zbliżonych do mikrośrodowiska guza, gdzie interakcje międzykomórkowe są głównie oparte na czynnikach zewnątrzkomórkowych.

W badaniach wstępnych (na podstawie danych literaturowych) wybrano metody służące do oceny polaryzacji monocytów i makrofagów M0 do fenotypu M1 lub M2. Komórki THP1 lub makrofagi M0 hodowane (24-72 godz.) w obecności IFN- γ i LPS (fenotyp M1) charakteryzowały się wysoką powierzchniową ekspresją TLR2, nasiloną produkcją reaktywnych form tlenu (RFT) i cytokin prozapalnych (IL-6, IL-1 β). Nie wykazywały natomiast obecności arginazy 1 w cytozolu. Fenotyp M2 uzyskano w wyniku stymulacji komórek THP1 lub makrofagów niespolaryzowanych za pomocą interleukiny 4 (24-72 godz.). Makrofagi M2 charakteryzowały się brakiem ekspresji TLR2, brakiem produkcji RFT i cytokin prozapalnych. Natomiast cytozolowy poziom arginazy 1 był wysoki.

Badane linie A2780, A2780cis i SK-OV-3 nie indukowały ekspresji TLR2 na monocytach i makrofagach M0, niezależnie od czasu hodowli. Komórki raka jajnika nie pobudzały również produkcji cytokin prozapalnych przez monocyty i makrofagi niespolaryzowane. Wszystkie trzy linie raka jajnika nie wpływały na cytozolowy poziom arginazy 1 i STAT3 w komórkach odpornościowych. Natomiast jedynie komórki raka jajnika wrażliwe na cisplatynę A2780 stymulowały monocyty i makrofagi M0 do uwalniania RFT, jednakże 3-krotnie słabiej niż IFN- γ i LPS.

Opis najważniejszych osiągnięć: Wykazano, że linie komórkowe raka jajnika, niezależnie od ich oporności na cisplatynę czy charakteru inwazyjności, nie różnicowały komórek THP1 (monocytów)

oraz makrofagów M0 ani w kierunku M1 ani M2. Jedynie wrażliwe na cisplatynę komórki A2780 w niewielkim stopniu stymulowały komórki odpornościowe do produkcji RFT, co jest charakterystyczne dla fenotypu M1. Można przypuszczać, że produkowane przez komórki raka jajnika cytokiny/chemokiny nie są wystarczającym bodźcem indukującym polaryzację monocytów/makrofagów M0.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Otrzymane wyniki zostaną włączone do badań wstępnych planowanego projektu, który będzie złożony w konkursie NCN OPUS 23.

Zadanie Nr 15

Tytuł zadania: **Analiza oddziaływań białek strukturalnych wirusa SARS-CoV-2 z wybranymi elementami układu immunologicznego człowieka.** (T-96)

Pracownia Epigenetyki - Kierownik: dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN

Wykonawcy: dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN – 100%; mgr Anna Salkowska – 100%; mgr Kaja Karaś – 100%, dr Damian Krzyżanowski (urlop bezpłatny); mgr Joanna Pastwińska od 01.07.2021-100%; dr Iwona Karwaciak od 01.09.2021- 100%.

Cel pracy: Analiza zmian w transkryptomie i sekretomie komórek układu immunologicznego narażonych na działanie białek wirusa SARS-CoV-2.

Opis zrealizowanych prac: W 2021 roku metodą RT-PCR w czasie rzeczywistym oraz techniką ELISA przeprowadziliśmy analizę ekspresji genów *IL6*, *IL1β*, *IL10* oraz *TNF* w komórkach monocytów oraz makrofagach izolowanych z kożuszków leukocytarnych zdrowych dawców, które narażono na działania białek S i N wirusa SARS-CoV-2.

Opis najważniejszych osiągnięć: Wykazaliśmy, że *IL6*, *IL1β*, *IL10* ulegają znaczącej indukcji w komórkach monocytów i makrofagów, które hodowano w obecności białek N i S wirusa SARS-CoV-2, przy czym efekt białka N był znacznie wyższy niż białka S. Analiza szlaku sygnałowego związanego z czynnikiem NF-κB wskazuje, że obserwowana indukcja analizowanych cytokin związana jest z aktywacją właśnie tego czynnika transkrypcyjnego.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: W ramach realizacji tego zadania badawczego, w 2022 roku planujemy poszukiwanie inhibitorów, które byłyby skuteczne w hamowaniu indukowanej przez białka SARS-CoV-2 ekspresji IL-6.

Zadanie Nr 16

Tytuł zadania: **Badanie znaczenia lektyny wiążącej mannozę (MBL) w podatności na zakażenia noworodków urodzonych przedwcześnie.** (T-97)

Pracownia Immunobiologii Zakażeń - Kierownik: prof. dr hab. Maciej Cedzyński,

Wykonawcy: prof. dr hab. Maciej Cedzyński – 100%; prof. dr hab. Anna Świerżko – 100%; dr Agnieszka Szala-Poździej 100%; mgr Gabriela Gajek 100%; mgr inż. Dariusz Jarych 100%;

Cel pracy: Celem badań była ocena znaczenia lektyny wiążącej mannozę (MBL) w podatności na zakażenia i ryzyko wystąpienia innych powikłań u noworodków urodzonych przedwcześnie.

Opis zrealizowanych prac: Wykonano badania polimorfizmów genu *MBL2*, zlokalizowanych w regionie promotorowym i eksonie 1 oraz stężenia MBL w surowicy krwi pępowinowej (metodą

ELISA, z wykorzystaniem mannanu drożdżowego). Genotypy *MBL2* oznaczono u 535, natomiast stężenia MBL – u 449 noworodków.

Opis najważniejszych osiągnięć: Oznaczono częstość występowania haplotypów *MBL2* w grupie noworodków urodzonych przedwcześnie:

HYA – 0,351

LYA – 0,246

LXA – 0,212

LYB – 0,13

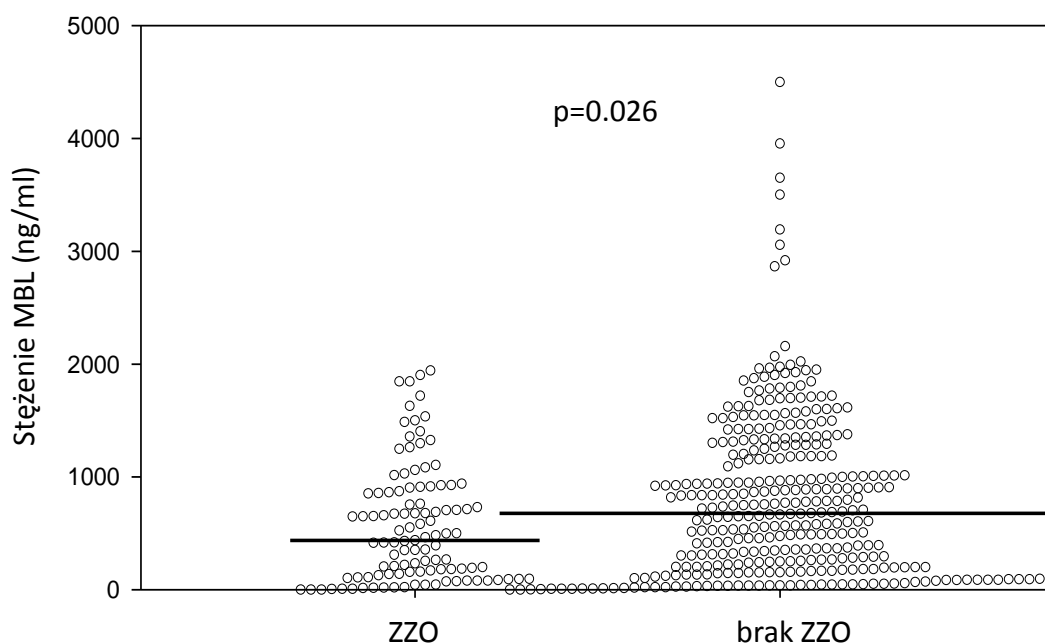
HYD – 0,044

LYC – 0,01

LYD – 0,007

Haplotypy HYA i LYA związane są z wysoką, a haplotyp LXA – z niższą ekspresją MBL o prawidłowej strukturze i aktywności, natomiast haplotypy LYB, HYD, LYC i LYD – z ekspresją białka o zaburzonej strukturze, obniżonej aktywności, ulegającego szybszej degradacji przez proteazy osoczowe. Genotypy LXA/O i O/O (gdzie O oznacza allele D, B lub C) związane są z pierwotnym niedoborem MBL. Niedobór taki występował istotnie częściej u dzieci urodzonych przy wieku ciążowym ≤ 32 tygodni („very preterm”, zgodnie z klasyfikacją Światowej Organizacji Zdrowia, WHO), u których wystąpił zespół zaburzeń oddychania (ZZO), w porównaniu z odpowiednią grupą odniesienia [$p=0,0074$; OR=15,02, 95% CI (0,86-262,14)]. W tej grupie wiekowej zaobserwowano również ochronny efekt genotypów A/A [$p=0,0016$; OR=0,21, 95% CI (0,08-0,56)]. Podobnych zależności nie zanotowano w grupie noworodków urodzonych w wieku ciążowym 33-37 tygodni („moderate/late preterm” wg WHO). Genotypy LXA/O lub O/O stwierdzono u 8 z 35 (22,9%) noworodków, u których zakażenia okołoporodowe rozwinęły się po >72 h po porodzie (tzw. późne infekcje), w porównaniu z 48/421 (11,4%) wcześniaków, u których nie doszło do zakażeń [$p=0,059$, OR=2,3, 95% CI (0,99-5,36)]. Ponadto, wykazano brak znaczącego wpływu badanych polimorfizmów na ryzyko bardzo niskiej masy urodzeniowej, przedwczesnego pęknięcia błon płodowych, rozwoju zapalenia płuc, „wczesnego” zakażenia, zakażenia z towarzyszącą bakteriecią czy konieczności wentylacji mechanicznej.

Mediana stężeń MBL w surowicy pępowinowej w badanej grupie noworodków urodzonych przedwcześnie wynosiła 643 ng/ml (zakres 0-4500 ng/ml). Zaobserwowano istotną statystycznie korelację stężenia MBL z wiekiem ciążowym ($R=0,111$, $p=0,019$) lecz nie z urodzeniową masą ciała. Stężenia były znacząco niższe u dzieci z rozpoznaniem ZZO, w porównaniu z noworodkami u których nie wystąpiło to powikłanie (mediany: 436 ng/ml vs 676 ng/ml, $p=0,0026$) (ryc. 1). Po podziale na grupy „very preterm” i „moderate/late preterm” wykazano istotną różnicę u noworodków urodzonych ≤ 32 t.c. (mediany: 349 ng/ml vs 780 ng/ml, $p=0,001$) lecz nie dzieci urodzonych między 33 i 37 t.c. Stężenia badanej lektyny u wcześniaków, u których rozwinęły się „późne” zakażenia okołoporodowe były znacząco niższe niż u noworodków, u których nie doszło do infekcji przed opuszczeniem szpitala (mediany: 281 ng/ml vs 652 ng/ml; $p=0,023$) (ryc. 1). Nie stwierdzono natomiast istotnych statystycznie różnic poziomu MBL, w zależności od innych analizowanych, wymienionych wyżej powikłań.



Ryc. 1. Stężenia lektyny wiążącej mannozę (MBL) w próbach surowicy pępowinowej noworodków urodzonych przedwcześnie, w których wystąpił zespół zaburzeń oddychania i takich, u których nie doszło do tego powikłania. Mediany zaznaczono czarnymi liniami.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Planuje się publikację wyników w czasopiśmie o międzynarodowym zasięgu.

Zadanie Nr 17

Tytuł zadania: **Transkrypcyjne aspekty immunotoksyczności związków halogenoorganicznych stosowanych w przemyśle i gospodarstwie domowym. (T-98)**

Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej - Kierownik: dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN

Wykonawcy: Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN – 70%; dr Dawid Grzela– 100%; dr Iwona Karwaciak do 31.08.2021– 100%; mgr Maciej Studzian od 20.09.2021 – 100%.

Cel pracy: Poszerzenie wiedzy naukowej na temat, że molekularnych celów działania niektórych związków halogenoorganicznych, zwłaszcza czynników transkrypcyjnych zaangażowanych w ekspresję genów istotnych dla odporności.

Opis zrealizowanych prac: Wykonano serię doświadczeń techniką pomiaru ekspresji genów na poziomie mRNA przez reakcję RT-PCR w czasie rzeczywistym na liniach nowotworowych pochodzących z układu odpornościowego, poddanych działaniu związków halogenoorganicznych.

Opis najważniejszych osiągnięć: W roku 2021, na pierwszym etapie realizacji nowego zadania badawczego, nie uzyskano znaczących osiągnięć naukowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: W roku 2021 uzyskane wyniki wykorzystywane były wyłącznie do zaplanowania dalszych badań w ramach projektu.

Zadanie Nr 18

Tytuł zadania: **Technologie badania bioaktywności związków halogenoorganicznych *in vitro* – ekspozycja i detekcja.** (T-99)

Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii - Kierownik: dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN

Wykonawcy: Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN – 5%

Cel pracy: Poszerzenie wiedzy naukowej na temat testowania bioaktywności związków halogenoorganicznych *in vitro* poprzez standaryzację technik ekspozycji i sposobów detekcji tej bioaktywności.

Opis zrealizowanych prac: Wykonano serię doświadczeń dotyczących solubilizacji związków halogenoorganicznych w celu ich dodawania do hodowli komórkowych *in vitro* z użyciem solubilizatorów i surfaktantów.

Opis najważniejszych osiągnięć: W roku 2021, na pierwszym etapie realizacji nowego zadania badawczego, nie uzyskano znaczących osiągnięć naukowych.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: W roku 2021 uzyskane wyniki wykorzystywane były wyłącznie do zaplanowania dalszych badań w ramach projektu.

Zadanie Nr 19

Tytuł zadania: **Wpływ mikrośrodowiska guza na ekspresję i rodzaj zmian potranslacyjnych receptora chemokinowego CXCR4 w komórkach raka jelita grubego oraz w wydzielanych przez te komórki pęcherzykach zewnątrzkomórkowych.** (T-100)

Pracownia Sygnalizacji Komórkowej - Kierownik: Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN

Wykonawcy: Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN – 50%; prof. dr hab. Maria Anna Kowalska – 50%; Dr Jakub Kryczka – 50%; Dr Izabela Papiewska-Pająk – 50%; Dr Patrycja Przygodzka – 50%.

Cel pracy: Warunki niedotlenienia (hipoksja) w mikrośrodowisku guza stymulują progresję raka jelita grubego (RJG). Hipoksja silnie indukuje ekspresję transkryptu receptora chemokinowego CXCR4 oraz tego białka w błonie komórkowej. Aktywacja receptora zachodząca pod wpływem wiązania z chemokiną CXCL12/SDF-1 wpływa na zwiększenie właściwości migracyjnych i lekooporności komórek nowotworowych prowadząc do zwiększenia metastazy, która jest główną przyczyną śmierci chorych na RJG. Dane literaturowe podkreślają również rolę wydzielanych przez komórki pęcherzyków zewnątrzkomórkowych (EVs) w progresji nowotworowej. Celem badań było sprawdzenie zmian w ekspresji CXCR4 w wybranych ludzkich liniach komórkowych RJG o różnym potencjale metastatycznym oraz w wydzielanych przez nie EVs w warunkach hipoksji.

Opis zrealizowanych prac: Pierwszym etapem badań była 24h hodowla komórek RJG w różnych warunkach dostępności tlenu oraz otrzymanie EVs wydzielanych przez komórki RJG w warunkach hipoksji i normoksji z wykorzystaniem metody sekwencyjnych wirowań i ultrawirowań. Następnie oceniliśmy ekspresję receptora CXCR4 w komórkach RJG i jego zawartość w EVs stosując metodę Western immunoblotting.

Opis najważniejszych osiągnięć: Uzyskane wyniki potwierdziły obecność różnych form potranslacyjnych białka CXCR4 w badanych liniach komórkowych RJG oraz zmiany w ekspresji białka w zależności od dostępności tlenu i potencjału metastatycznego komórek. Uzyskany obraz zawartości CXCR4 w wydzielonych EVs różnił się od poziomu CXCR4 w komórkach,

zaobserwowaliśmy również różnice w zawartości CXCR4 w EVs ze względu na warunki dostępności tlenu.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Otrzymane wyniki pokazały, że ekspresja CXCR4 w komórkach i jego zawartość w EVs jest zależna od potencjału metastatycznego komórek oraz od warunków tlenowych środowiska, a przez to może wpływać na metastazę RJG.

Zadanie Nr 20

Tytuł zadania: **Synteza paklitakselu modyfikowanego klasterami boru. (T-101)**

Laboratorium Skriningowe - Kierownik: Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN

Wykonawcy: *Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN – 50 %; mgr Daria Różycka – 50%; mgr inż. Aleksandra Kierozalska (od 01.06.2021) -100%*

Cel pracy: opracowanie metody syntezy modyfikowanego klasterami boru paklitakselu.

Opis zrealizowanych prac: w ramach zrealizowanych prac przygotowano odpowiednie blokowane substraty (bakatin) do syntezy modyfikowanego paklitakselu. Opracowano metodę syntezy i oczyszczania laktamu modyfikowanego 1,2-dikarba-*closo*-dodekaborane i 1,7-dikarba-*closo*-dodekaboranem. Strukturę i czystość związków zanalizowano za pomocą ^1H -, ^{13}C -, ^{11}B -NMR, TLC i MS.

Opis najważniejszych osiągnięć: Wykonano liczne próby przyłączenia, w różnych warunkach reakcji, niemodyfikowanego i modyfikowanego laktamu do blokowanego bakatinu. Odpowiednie związki otrzymano ze stosunkowo niskimi wydajnościami. Ze względu na atrakcyjność tematu zadanie to będzie kontynuowane w 2022 roku celem zoptymalizowania warunków reakcji i wydajności docelowych związków.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: otrzymane wyniki będą podstawą przygotowania większego projektu naukowego obejmującego opracowanie metod syntezy innych, modyfikowanych taksoli.

INNE ZADANIA - realizowane w ramach działalności statutowej Instytutu Biologii Medycznej PAN w 2021 rok

Zadanie nr 1

Tytuł: **Upowszechnianie nauki poprzez finansowanie publikacji oraz udziału w konferencjach naukowych.**

Kierownik zadania: prof. dr hab. Jarosław Dziadek

Cel realizacji zadania: Celem zadania jest upowszechnianie, promocja i popularyzacja wyników działalności badawczej, badawczo-rozwojowej, innowacyjnej i wynalazczej w skali krajowej i międzynarodowej. Zadanie będzie realizowane poprzez upowszechnianie informacji naukowych w ramach krajowych lub międzynarodowych konferencji naukowych oraz organizowanie lub udział w przedsięwzięciach promujących i popularyzujących osiągnięcia naukowe. Wyniki działalności badawczej i badawczo-rozwojowej upowszechniane będą również poprzez wydawanie publikacji naukowych.

- W dniach 13-17.09.2021 roku, na Wydziale Filologicznym Uniwersytetu Łódzkiego, odbył się (w formie hybrydowej) 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego

(PTChem), zorganizowany przez Łódzki Oddział Polskiego Towarzystwa Chemicznego. Jednostkami organizującymi Zjazd były łódzkie uczelnie i instytuty naukowe: Uniwersytet Łódzki, Politechnika Łódzka, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych Polskiej Akademii Nauk w Łodzi oraz **Instytut Biologii Medycznej PAN**.

- **XII Sesja Magistrantów i doktorantów Łódzkiego Środowiska Chemików (17.06.2021)** – ufundowanie nagrody przez IBM PAN za najlepszą pracę magisterską „Na pograniczu chemii i biologii”. Laureatka Justyna Czubińska z UŁ Wydział Chemii, Katedra Chemii Środowiska autorka pracy *pt.: Oznaczenie wolnych kwasów tłuszczowych w próbach mleka i jego produktach*”.

Zadanie nr 2

Tytuł: **Komercjalizacja wyników badań naukowych i prac rozwojowych**

Kierownik zadania: prof. dr hab. Jarosław Dziadek

Wykonawcy: dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN (25%), Marta Uleżałka (25%)

Cel realizacji zadania: Celem zadania są działania związane z komercjalizacją wyników badań naukowych i prac rozwojowych, polegające na analizie potrzeb rynku, stanu techniki, możliwości ochrony patentowej efektów tej działalności oraz opracowywaniu projektów komercjalizacji. Głównym celem jest bieżąca analiza własności intelektualnej powstałej w wyniku prac prowadzonych w IBM PAN pod kątem komercjalizacji. Ocena wyników badań naukowych i prac rozwojowych i wyodrębnienie ich pod kątem możliwości ochrony patentowej oraz dalszego wykorzystania gospodarczego.

– **Wykaz uzyskanych patentów**

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	P.426638	10.08.2018	Pat. 238658 Data ogłoszenia UPRP dnia 24.06.2021	Koniugat składający się z insuliny ludzkiej lub jej znanego analogu oraz przyłączonego do niej kowalencyjnie metalokarboranu	Konrad Kowalski, Zbigniew J. Leśnikowski , Tomasz Goszczyński, Krzysztof Fink, Janusz Boratyński	Instytut Biologii Medycznej PAN Inst.Immunologii i Terapii Doswoadczałnej PAN we Wrocławiu	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej

– **wykaz uzyskanych patentów w 2021 roku, gdzie pracownik IBM PAN jest twórcą lub / współtwórcą**

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	16090772	03.04.2017	11077155	Bacteriophage strains and their applications (Szczepy bakteriofagów i ich zastosowania)	Arkadiusz Wojtasik Elżbieta Górecka Ewelina Wójcik Małgorzata Stańczyk Joanna Kolsut Justyna Klimczak Jarosław Dastych Andrzej Siwicki Patrycja Schulz	PROTEON PHARMACEUTICALS S A	Światowa Organizacja Własności Intelektualnej Kraje członkowskie WIPO (193 państwa członkowskie)

Sprawozdania
z realizowanych projektów badawczych
w 2021

Projekty, prace badawcze realizowane w 2021 roku

- II.3.1. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki;
 II.3.2. Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Badań i Rozwoju;
 II.3.3. Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym MEiN, NAWA);
 II.3.4. Projekty finansowane przez podmioty/institucje zagraniczne;
 II.3.5. Inne projekty.

Łączna liczba wszystkich projektów (II.3.1-II.3.5): 28

w tym:

Projekt w ramach	Tytuł projektu	Kierownik projektu	Okres realizacji (rok) od-do	Przyznane środki*	Institucja finansująca	Partnerzy zagraniczni (kraj, nazwa jednostki), jeśli dotyczy**
II.3.1	1. 2014/14/E/ST5/00577 Cząsteczki wiążące DNA - synteza właściwości interkalatorów DNA zawierających klaster boru	dr hab. Agnieszka Bogusława Olejniczak	2015-10-01 2021-03-30	1 137 670	NCN SONATA BIS 4	Instytut Biologii Medycznej PAN
	2. 2015/16/W/ST5/00413 Oligopodalne kompozyty kwasów nukleinowych i klasterów boru - nowy materiał dla bionanotechnologii	prof. dr hab. Zbigniew Jan Leśnikowski	2015-11-16 2022-11-15	3 430 080 <i>w tym IBM PAN</i> 2 393 160 560	NCN SYMFONIA 3	Instytut Biologii Medycznej PAN Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN
	3. 2015/18/E/NZ5/00733 Identyfikacja genów i procesów epigenetycznych zaangażowanych w różnicowanie komórek Th17 człowieka	dr Marcin Marek Ratajewski	2016-05-13 2021-05-12	1 105 400	NCN SONATA BIS 5	Instytut Biologii Medycznej PAN
	4. 2015/17/B/NZ6/04250 Uwarunkowanie genetyczne i regulowane epigenetycznie niedobory fikoliny-2 w podatności na zakażenia noworodków urodzonych przedwcześnie	prof. dr hab. Anna Stanisława Świerżko	2016-07-13 2021-07-12	827 240	NCN OPUS 9	Instytut Biologii Medycznej PAN
	5. 2015/19/B/NZ6/02978 RecA niezależna odpowiedź prątków gruźlicy na uszkodzenia DNA	dr hab. Anna Malgorzata Brzostek	2016-08-26 2021-08-25	908 400	NCN OPUS 10	Instytut Biologii Medycznej PAN
	6. 2016/22/E/NZ3/00341 Neuromedyna U jako nowy potencjalny regulator przerzutowania w raku jelita grubego i odbytnicy.	dr Patrycja Justyna Przygodzka	2017-05-05 2022-05-04	1 315 716	NCN SONATA BIS 6	Instytut Biologii Medycznej PAN
	7. 2016/23/B/NZ7/01204 Identyfikacja ligandów Mycobacterium tuberculosis wiążących ludzki surowicy amyloid A (SAA) oraz określenie biologicznej roli interakcji prątków gruźlicy z SAA.	dr hab. Bożena Renata Dziadek / prof. dr hab. Jarosław Dziadek	2017-08-03 2022-08-02	1 257 100 <i>w tym IBM PAN</i> 655 200	NCN OPUS 12	Uniwersytet Łódzki; Wydział Biologii i Ochrony Środowiska Instytut Biologii Medycznej PAN
	8. 2017/25/B/NZ7/01290 Enzymy metabolizmu RNA, PAP I i PNPaza, jako miejsca docelowe dla nowych leków przeciwpłatkowych i ich funkcjonalna charakterystyka.	prof. dr hab. Jarosław Dziadek	2018-02-06 2022-02-05	1 394 169	NCN OPUS 13	Instytut Biologii Medycznej PAN
	9. 2017/25/B/NZ7/00124 Nowe 2,4-dipodstawione pochodne pirydyny - synteza, aktywność przeciwpłatkowa in vitro, model farmakoforowy, cele molekularne oraz mechanizm działania wobec szczepów Mycobacterium tuberculosis	dr hab. Katarzyna Gobis prof. dr hab. Jarosław Dziadek	2018-02-21 2022-08-22	1 146 440 <i>w tym IBM PAN</i> 405 560	NCN OPUS 13	Gdański Uniwersytet Medyczny Instytut Biologii Medycznej PAN Politechnika Łódzka; Wydział Chemiczny
	10. 2018/29/B/NZ5/01756 Jak mikropecherzyki	prof. dr hab. Maria Anna	2019-01-24 2023-01-23	1 482 313	NCN OPUS 15	Instytut Biologii Medycznej PAN

	plytkowe wpływają na inwazyjność komórek raka jelita grubego w procesie metastazy. Czy możemy to zmienić?	Kowalska				
	11. 2018/31/B/NZ6/03514 Oddziaływanie gospodarz-patogen: bakteryjne pęcherzyki błony zewnętrznej jako tarcza dla układu dopełniacza	prof. dr hab. Anna Stanisława Świerzko	2019-07-04 2023-07-03	1 255 840 <i>w tym IBM PAN 411 500</i>	NCN OPUS 16	Instytut Biologii Medycznej PAN Uniwersytet Śląski w Katowicach Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN
	12. 2019/33/B/NZ7/00795 Zastosowanie sztucznej inteligencji opartej na liczeniu maszynowym do poszukiwania nowych substancji modulujących aktywność ROR γ /ROR γ T	dr hab. Marcin Ratajewski	2020-02-06 2023-02-05	1 277 600	NCN OPUS 17	Instytut Biologii Medycznej PAN
	13. 2019/33/B/NZ7/0287 Badania mechanizmów molekularnych związanych z zakażeniami HIV i CMV w patogenezie raka jajnika	dr hab. Edyta Paradowska;	2020-10-01 2023-09-30	2 090 684 <i>w tym IBM PAN 1 593 264</i>	NCN OPUS; 17	Instytut Biologii Medycznej PAN; Instytut „Centrum Zdrowia Matki Polki”; Uniwersytet Medyczny w Łodzi
	14. 2019/33/B/NZ1/02770 Weryfikacja roli białek - przewidywanych czynników naprawczych, biorących udział w naprawach pęknięć DNA u mykobakterii	dr Przemysław Płociński	2020-10-01 2023-09-30	1 374 500	NCN OPUS 17	Instytut Biologii Medycznej PAN
	15. 2019/34/E/NZ6/00221 Wykorzystanie wzorców ewolucyjnych w optymalizacji chemioterapii gruźlicy	dr Alina Ewa Minias	2020-10-01 2023-09-25	3 172 960 <i>w tym IBM PAN 2 450 120</i>	NCN SONATA BIS 9	Instytut Biologii Medycznej PAN; Instytut Farmakologii PAN; Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc
	16. 2019/35/N/NZ7/01618 Molekularne mechanizmy interakcji receptorów ROR γ /ROR γ T z inhibitorem kinaz zależnych od cytokin (AT7519). Analiza tkankowo-swoistego oddziaływania i aktywacji limfocytów Th17	mgr inż. Kaja Karaś	2020-07-02 2022-07-02	139 920	NCN PRELUDIUM 18	Instytut Biologii Medycznej PAN
	17. 2019/35/D/NZ5/00558 Ocena udziału czynników transkrypcyjnych SNAIL 1 i SNAIL 2 w rozwoju chemiooporności komórek raka jajnika w kontekście ich inwazyjności	dr Michał Kielbik	2020-09-01 2023-08-31	900 144	NCN SONATA 15	Instytut Biologii Medycznej PAN
	18. 2019/35/B/NZ7/00942 Czynniki Mycobacterium tuberculosis wpływające na częstość transmisji gruźlicy	prof. dr hab. Ewa Augustynowicz-Kopeć dr Alina Ewa Minias	2020-07-09 2023-07-08	2 424 060 <i>w tym IBM PAN 1 104 720</i>	NCN OPUS 18	Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc Instytut Biologii Medycznej PAN Uniwersytet Łódzki
	19. 2020/37/N/NZ6/01887 Kolektyna wątrobowa 1 (CL-L1) i kolektyna nerkowa 1 (CL-K1) w podatności wcześniaków na infekcje	mgr Gabriela Gajek	2021-01-21 2024-01-20	209 904	NCN PRELUDIUM 19	Instytut Biologii Medycznej PAN
	20. 2020/37/B/NZ7/04199 Nowe mechanizmy immunomodulacji przez opóźnione palenie;	dr hab. Łukasz Pułaski	2021-04-01 2024-03-31	2 350 440	NCN OPUS 19	Instytut Biologii Medycznej PAN
	21. 2020/37/B/NZ5/01029 Epigenetyczna immunomodulacja zależna od elementów mikrobiomu. Model pośrednich i bezpośrednich oddziaływań komórek Th17 i Treg ze Staphylococcus aureus w przebiegu łuszczycy	dr hab. Marcin Ratajewski	2021-01-26 2024-01-25	1 585 200	NCN OPUS 19	Instytut Biologii Medycznej PAN
	22. 2020/37/B/NZ6/04037 Przebieg choroby COVID-19 w aspekcie odpowiedzi odpornościowej oraz zmienności genetycznej gospodarza i SARS-CoV-2	dr hab. Edyta Paradowska	2021-02-01 2024-01-31	2 731 128 <i>w tym IBM PAN 945 936</i>	NCN OPUS 19	Instytut Biologii Medycznej PAN Uniwersytet Łódzki Uniwersytet Medyczny w Łodzi

	23. 2020/39/B/NZ6/01660 Wpływ glikozylacji białka Spike wirusa SARS-CoV-2 na aktywność układu dopęlniacza	prof. dr hab. Maciej Cedzyński	2021-06-24 2024-06-23	1 507 503 <i>w tym IBM PAN 648 954</i>	NCN OPUS 20	Instytut Biologii Medycznej PAN Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN Warszawski Uniwersytet Medyczny
	24. 2020/39/B/NZ7/01995 By stary lek znów skutecznym był - koniugaty izoniazylu/rifamycyny i klastarów boru - synteza i aktywność przeciwgruźlicza	dr hab. Agnieszka B. Olejniczak	2021-07-12 2025-07-11	1 552 482	NCN OPUS 20	Instytut Biologii Medycznej PAN
	25. 2021/05/X/NZ3/01620 Optymalizacja procedury otrzymywania mikropęcherzyków <i>Mycobacterium</i>	dr Agnieszka Szala-Poździej	2021-12-15 2022-12-14	49 992	MINIATURA 5	Instytut Biologii Medycznej PAN
II.3.2	brak					
II.3.3	1. Wymiana bilateralna naukowców	prof. dr hab. Jarosław Dziadek	2019-01-01 2021-12-31	20 000	NAWA	Institute of Pharmacology and Structural Biology, Toulouse, Republika Francuska Instytut Biologii Medycznej PAN
	2. European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC)	prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski	2018-06-01 2023-05-31	39 273 625 <i>w tym IBM PAN 14 696 000</i>	MNiSW	Instytut Biologii Medycznej PAN (lider), Instytut Chemii Bioorganicznej PAN Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
II.3.4	1. NUMBER 823893 — EU-OPENSREEN-DRIVE Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond./ Zapewnienie długofalowego zrównoważonego rozwoju w zakresie biologii chemicznej w Europie i poza nią. Projekt w ramach programu ramowego Unii Europejskiej	dr Wolfgang Fecke	2019-02-01 2023-01-31	21 577 117 EUR <i>w tym IBM PAN 60 625,00 EUR</i>	UE Horyzont 2020	Academisch Ziekenhuis Leiden - Leids Universitair Medisch Centrum (LUMC) Agencia Estatal Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) CSC-TIETEEN TIETOTEKNIKAN KESKUS OY Danmarks Tekniske Universitet ECOLE POLYTECHNIQUE FEDERALE DE LAUSANNE European Molecular Biology Laboratory FORSCHUNGSVERBUND BERLIN EV FRAUNHOFER GESELLSCHAFT ZUR FOERDERUNG DER ANGEWANDTEN FORSCHUNG E.V. Fundacion Centro De Excelencia En Investigacion De Medicamentos Innovadores En Andalucia (MEDI) Fundació Institut Mar d'Investigacions Mèdiques (IMIM) Fundación de la Comunidad Valenciana Centro de Investigación Príncipe Felipe Helmholtz-zentrum Fuer Infektionsforschung GMBH Helsingin Yliopisto Hochschule Mannheim Istituto de Biologia Molecular e Celular - IBMC INSTITUTUL DE CHIMIE TIMISOARA AL ACADEMIEI ROMANE Instytut Biochemii i Biofizyki PAN Instytut Biologii Medycznej PAN Instytut Chemii Bioorganicznej PAN Karolinska Institut Latvijas Organiskas Sintezes Instituts (OSI) MAGYAR TUDOMANYOS AKADEMIA TERMESZETTUDOMANYI KUTATOKOZPONTMasarykova Univerzita [Masaryk University] National Center for Scientific Research "Demokritos" SINTEF AS TECHNISCHE UNIVERSITAET MUENCHEN Universidad de Santiago de Compostela Universitetet I Bergen Universitetet i Oslo UNIVERSITETET I TROMSOE (UiT) Univerzita Palackého v Olomouci
II.3.5.	I brak					

*środki ogółem przyznane na okres realizacji przez instytucję finansującą projekt

** w przypadku konsorcjów większych niż 5 partnerów prosimy wpisać „projekt wielostronny”

Projekty finansowane lub dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki

2014/14/E/ST5/00577 (NCN - SONATA BIS 4)

Tytuł: „Cząsteczki wiążące DNA - synteza właściwości interkalatorów DNA zawierających klaster boru”.

Kierownik: Dr hab. Agnieszka Olejniczak, prof. IBM PAN

Okres realizacji: 01.10.2015 – 30.03.2021

Cel pracy: Celem projektu było opracowanie metody syntezy nowych, modyfikowanych związków, które będą oddziaływać z DNA na drodze interkalacji. Do modyfikacji wykorzystane zostaną klaster boru – karborany i metalokarborany – charakteryzujące się interesującymi właściwościami chemicznymi i fizycznymi. Modyfikowane borem interkalatory DNA scharakteryzowane zostaną fizykochemicznie i biologicznie oraz dokonana zostanie ocena wpływu obecności klastera boru na zdolność oddziaływania z DNA.

Opis zrealizowanych prac: w ramach realizacji projektu opracowano metody syntezy naftalimidów (analogi mitonafidu i pinafidu) i akrydyn modyfikowanych klasterami boru. W sumie otrzymano pochodne naftalimidów: 9 związków z klasterem boru przyłączonym do imidowego atomu azotu, 22 związki zawierające klaster boru w pozycji 3; 34 związki zawierające klaster boru w pozycji 4; 16 związków będących dipodstawionymi naftalimidami, w których jednym z podstawników jest klasterem boru. Opracowano metody syntezy 14 pochodnych akrydyn modyfikowanych klasterami boru, gdzie klaster boru przyłączony jest w różnych pozycjach trójcyklicznego układu akrydynowego. Do wprowadzenia modyfikacji karboranylowej wykorzystano m.in. reakcję klik chemii, reduktywną aminację, reakcję tworzenia wiązania amidowego, reakcję Mitsunobu. Scharakteryzowano spektralnie i chromatograficznie otrzymane związki potwierdzając jednoznacznie strukturę otrzymanych połączeń oraz ich czystość. Rozwiązano strukturę krystalograficzną dwóch modyfikowanych naftalimidów (we współpracy z ICHB PAN w Poznaniu), w których modyfikacja karboranylowa jest przyłączona za pomocą wiązania amidowego w pozycji 3 układu naftalimidowego. Wszystkie otrzymane modyfikowane klasterem boru naftalimidy zbadano pod kątem ich oddziaływania z podwójnym DNA (ct-DNA), wykorzystując do tego celu pomiar temperatury mięknienia, dichroizm kołowy oraz analizę UV (wyznaczenie stałej wiązania). Wszystkie otrzymane modyfikowane klasterem boru akrydyny zbadano pod kątem ich oddziaływania z podwójnym DNA (ct-DNA), wykorzystując do tego celu pomiar temperatury mięknienia, dichroizm kołowy oraz analizę UV. Dla koniugatów naftalimidów, akrydyn i klasterów boru określono ich cytotoksyczność (IC_{50}) w stosunku do wybranych linii nowotworowych. Określono wpływ takich modyfikowanych koniugatów na fazy cyklu komórkowego, apoptozę/nekrozę, generowanie reaktywnych form tlenu wybranych linii nowotworowych oraz hamowanie aktywności topoizomerazy II.

Opis najważniejszych osiągnięć: Opracowano wysokowydajne metody syntezy oraz metody oczyszczania 1,8-naftalimidów (pochodnych mitonafidu i pinafidu) oraz akrydyny. Wśród otrzymanych koniugatów zidentyfikowano te połączenia, które silnie stabilizują DNA. Na podstawie otrzymanych wyników należy wnioskować, że stabilizacja DNA następuje w wyniku interkalacji

koniugatu do DNA. Z biblioteki otrzymanych związków zidentyfikowano również takie, które prawdopodobnie oddziałują z bruzdami DNA. Wykazano, że otrzymane modyfikowane koniugaty mogą indukować apoptozę, autofagię lub ferroptozę jak również odmiennie działać na fazy cyklu komórkowego w porównaniu do odpowiednich związków niemodyfikowanych. Analizy wykonano z wykorzystaniem linii nowotworowej HepG2 oraz HeLa. Wśród badanych połączeń zidentyfikowano również te koniugaty hamujące aktywność topoizomerazy II.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Uzyskane wyniki wnoszą istotny wkład w chemię medyczną klasterów boru i ich zastosowania jako modulatorów substancji aktywnych biologicznie, poszukiwanie nowych związków o aktywności przeciwnowotworowej. Aktualne wyniki są podstawą dwóch prac doktorskich wykonywanych w Laboratorium Skryningowym IBM PAN oraz materiałem aktualnie dwóch opublikowanych prac, pracy w recenzji oraz trzech manuskryptów, które zostaną opublikowane w 2022 roku.

Projekt Nr 2015/16/W/ST5/00413 (NCN - SYMFONIA 3)

Tytuł: „Oligopodalne kompozyty kwasów nukleinowych i klasterów boru - nowy materiał dla bionanotechnologii”.

Kierownik: Prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski

Okres realizacji: 16.11.2015 - 15.11.2022

Cel pracy: Celem badań jest opracowanie nowej klasy materiałów dla bionanotechnologii - „DNA-oligopodów” będących trójwymiarowymi (3D) kompozytami DNA/RNA oligonukleotydów i klasterów boru (karboranów i metalokarboranów), wykorzystanie ich do konstrukcji nanostruktur, zbadanie właściwości otrzymanych nanostruktur oraz niektórych ich zastosowań.

Opis zrealizowanych prac: Projekt realizowany jest w ramach konsorcjum, we współpracy z Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi. Jednym z kluczowych etapów w procesie konstrukcji DNA-oligopodów, bloków budulcowych nanostruktur, jest funkcjonalizacja klasterów boru umożliwiająca przyłączenie komponentu DNA.

W okresie sprawozdawczym prowadzono badania mające na celu opracowanie drugiej generacji nanocząsteczek zbudowanych z klasterów boru i krótkich fragmentów DNA. Koncepcja realizowanych na tym etapie badań polega na zastosowaniu nanocząstek zbudowanych z kompozytów klastrów DNA i boru zawierających dwa różne antysensowe oligonukleotydy ukierunkowane na dwa różne onkogeny, jako czynnika przeciwnowotworowego o podwójnym działaniu. Jako model w tych badaniach wykorzystaliśmy oligonukleotydy antysensowe skierowane przeciwko receptorowi naskórkowego czynnika wzrostu (EGFR) i wielofunkcyjnego czynnika transkrypcyjnego (c-MYC) tworzących nanocząstki złożone z DNA-oligopodów zawierających klaster boru i przyłączone do niego dwa antysensowe oligomery anty-EGFR połączone komplementarnymi do nich dwuniciowymi łącznikami w których jednym ze składników jest antysensowy oligomer anty-c-MYC. Oba onkogeny ulegają nadekspresji w wielu typach nowotworów u ludzi i są uważane za ważne cele terapeutyczne terapii przeciwnowotworowej. Jako model komórkowy wybraliśmy linię komórkową PANC-1 raka trzustki, jednego z najbardziej złośliwych i trudnych do leczenia rodzajów raka. Komórki PANC-1 zawierają oba typy onkogenów, EGFR i c-MYC. W instytucji lidera projektu (IBM PAN) realizowana jest zarówno ważna część

chemiczna polegająca na syntezie bloków budulcowych zawierających klaster boru jak również ewaluacja biologiczna z wykorzystaniem kultur komórkowych PANC-1 raka trzustki. W instytucji partnera, CBMiM PAN prowadzono syntezę komponentów DNA-oligonukleotydowych nanostruktur i kontynuowano badania nad ich własnościami fizykochemicznymi.

Opis najważniejszych osiągnięć: 1) Opracowanie nowego, oligofunkcjonalizowanego bloku budulcowego w oparciu o strukturę klasterów boru zdolnego do przyłączania trzech łańcuchów DNA-oligonukleotydowych, 2) opracowanie ulepszonej metody syntezy DNA-oligopodów, kompozytów klastera boru i DNA na fazie stałej, 3) potwierdzenie za pomocą analiz PAGE tworzenia się nanostruktur z elementów składowych, DNA-oligopodu i dwuniciowego łącznika zgodnie z założeniami.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Rezultatem realizacji projektu jest wytworzenie wiedzy na temat metod otrzymywania i właściwości nowej klasy bionieorganicznych połączeń klasterów boru i kwasów nukleinowych oraz dostarczenie nowego typu bloków budulcowych dla bionanotechnologii o nowych, użytecznych a niedostępnych dotąd własnościach. Uzyskane wyniki rozpowszechniane będą w postaci doniesień konferencyjnych i publikacji.

Projekt Nr 2015/18/E/NZ5/00733 (NCN – SONATA BIS)

Tytuł: „Identyfikacja genów i procesów epigenetycznych zaangażowanych w różnicowanie komórek Th17 człowieka”.

Kierownik: Dr Marcin Ratajewski

Okres realizacji: 13.05.2016- 12.05.2021

Cel pracy: Identyfikacja nowych Th17-specyficznych genów oraz mechanizmów epigenetycznych odpowiedzialnych za ich ekspresję.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 kontynuowano realizację projektu 2015/18/E/NZ5/00733 i ostatecznie go zakończono. Przeprowadzono badania transkryptomiczne komórek CD4⁺ i zróżnicowanych komórek Th17, które pozwoliły nam na wytypowanie nowych markerów Th17. Udało się wykazać, że 3 geny (APOD, CTSL, C1QL1) wykazują najwyższą ekspresję w limfocytach Th17 (względem Th1, Th2 i Treg) a ich ekspresja zależna jest od acetylacji histonu H2BK12.

Opis najważniejszych osiągnięć: Do tej pory wykazaliśmy, że acetylacja histonu H4K16 jest kluczowa dla ekspresji genu sygnaturowego komórek Th17 – ROR γ T. Co więcej, odpowiedź tych komórek na inhibitory deacetylazy histonów związana jest ściśle ze stopniem zróżnicowania limfocytów Th17. Analiza transkryptomów komórek CD4⁺ i zróżnicowanych komórek Th17, umożliwiła nam wytypowanie nowych markerów Th17, których Th17-specyficzną ekspresję potwierdzono względem limfocytów Th1, Th2 i Treg. Ekspresja tych markerów zależna jest od acetylacji histonu H2BK12.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Uzyskane w ramach realizacji projektu wyniki stały się podstawą publikacji:

Differentiation stage-specific effect of histone deacetylase inhibitors on the expression of ROR γ T in human lymphocytes. Sałkowska A, Karaś K, Walczak-Drzewiecka A, Dastyk J, Ratajewski M. *J Leukoc Biol.* 2017 Dec;102(6):1487-1495. doi: 10.1189/jlb.6A0617-217R.

Functional Analysis of the rs774872314, rs116171003, rs200231898 and rs201107751 Polymorphisms in the Human ROR γ T Gene Promoter Region. Ratajewski M, Słomka M, Karaś K, Sobalska-Kwapis M, Korycka-Machala M, Sałkowska A, Dziadek J, Strapagiel D, Dastych J. *Genes (Basel)*. 2017 Apr 21;8(4). pii: E126.

Identification of Novel Molecular Markers of Human Th17 Cells. Sałkowska A, Karaś K, Karwaciak I, Walczak-Drzewiecka A, Krawczyk M, Sobalska-Kwapis M, Dastych J, Ratajewski M. *Cells*. 2020 Jul 3;9(7):1611. doi: 10.3390/cells9071611.

SARS-CoV-2 Proteins Induce IFNG in Th1 Lymphocytes Generated from CD4+ Cells from Healthy, Unexposed Polish Donors. Sałkowska A, Karwaciak I, Karaś K, Dastych J, Ratajewski M. *Vaccines (Basel)*. 2020 Nov 12;8(4):673.

Nucleocapsid and Spike Proteins of the Coronavirus SARS-CoV-2 Induce IL6 in Monocytes and Macrophages-Potential Implications for Cytokine Storm Syndrome. Karwaciak I, Sałkowska A, Karaś K, Dastych J, Ratajewski M. *Vaccines (Basel)*. 2021 Jan 15;9(1):54.

Projekt Nr 2015/17/B/NZ6/04250 (NCN – OPUS 9)

Tytuł: „Uwarunkowanie genetyczne i regulowane epigenetycznie niedobory ficoliny-2 w podatności na zakażenia noworodków urodzonych przedwcześnie”.

Kierownik: Prof. dr hab. Anna Świerzko

Okres realizacji: 13.07.2016 -12.07.2021

Cel pracy: Celem projektu było wyjaśnienie genetycznych i epigenetycznych mechanizmów wpływających na zaburzenia syntezy ficoliny-2 i ich związku z nasileniem podatności na zakażenia wcześniaków oraz ocena znaczenia ficoliny-2 jako czynnika rozpoznającego wzorce molekularne związane z drobnoustrojami w zwalczaniu zakażeń w tej grupie.

Opis zrealizowanych prac: Realizację projektu zakończono w 2021 r. Zrealizowano planowane zadania badawcze.

Najważniejsze osiągnięcia:

- U noworodków urodzonych przed ukończeniem 33 tygodnia ciąży wykazano związek niskiego stężenia ficoliny-2 z wystąpieniem objawów zespołu zaburzeń oddychania (ZZO) i konieczności intubacji na sali porodowej; odnotowano też odwrotną korelację stężenia ficoliny-2 z czasem wentylacji mechanicznej, tlenoterapii, pobytu w oddziale intensywnej terapii (OIT) oraz pozytywną z punktacją w skali Apgar. Potwierdzono korelację stężenia ficoliny-2 w surowicy krwi pępowinowej z wiekiem ciążowym i masą urodzeniową

- W regionie 3'UTR genu *FCN2* zidentyfikowano 15 miejsc polimorficznych o MAF \geq 1. Wśród nich, 11 (rs6537958, rs6537959, rs7040372, rs7046516, rs7847422, rs7847431, rs6537957, rs6537960, rs6537962, rs114662298 i rs7860507) charakteryzuje się pełnym sprzężeniem (LD, $r^2=1$, $D'=1$), a dwa (rs4521835, rs73664188) mają związek ze stężeniem ficoliny-2 w surowicy; wykazano także częściowo specyficzne wiązanie się czynników ekstraktu jądrowego z fragmentem 3'UTR, obejmującym wspomniane 11 SNP

- u ponad 500 noworodków urodzonych przedwcześnie (\leq 36 t.c.) oznaczono częstość genotypów *FCN2* (polimorfizmy regionu promotorowego, eksonu 8 oraz 3'UTR). Za pomocą analizy bioinformatycznej oznaczono częstość haplotypów, utworzonych haplobloków i diplotypów;

diplootypy regionu promotorowego o częstości $\geq 1\%$ zaliczono do 5, natomiast diplootypy regionu 3'UTR - do 6 podgrup (odpowiednio: pI-pV i uI-uIV); diplootypy podgrup pV i uVI związane były z niskim stężeniem fikoliny-2 (w 87% przypadków występowały one wspólnie. Zaobserwowano też niezależny od polimorfizmów regionu promotorowego wpływ polimorfizmów regionu 3'UTR na stężenie fikoliny-2.

- diplootypy podgrupy pV były związane z ponaddwukrotnie wyższym ryzykiem zakażeń w czasie pobytu w szpitalu („late onset”, rozwijające się >72 h po porodzie) (OR=2,55, p=0,03), natomiast diplootypy pIII - wyższym ryzykiem porodu przed 33 t.c. (OR=2,08, p=0,002)

- zaobserwowano związek diplootypów uII z zakażeniami wrodzonymi i zapaleniem płuc (odpowiednio: OR=2,69, p=0,008 i OR=2,81, p=0,026) oraz uVI – z niską urodzeniową masą ciała (OR=1.95, p=0,042; diplootypy podgrupy uV wydają się chronić natomiast przed niską masą urodzeniową (OR=0,11 p=0,005)

- oznaczono profil mikroRNA w wybranych próbach surowicy noworodków zaliczonych do dwóch grup (noworodki urodzone przed 33 t.c., z objawami zakażenia wrodzonego i noworodki bez tych objawów oraz noworodki zdrowe z ponadprzeciętnym i bardzo niskim stężeniem fikoliny-2 w surowicy pępowinowej); zaobserwowano znaczące zmiany ekspresji hsa-miR-106b-3p, hsa-miR-106-5p, hsa-miR-150-5p i hsa-miR-328-3p związane z zakażeniami i korelację stężenia fikoliny-2 z hsa-miR-106b-5p; różnice ekspresji odnotowano też przy porodach za pomocą cięcia cesarskiego (hsa-miR-106-3p, hsa-miR-342-3p, hsa-miR-150-5p, hsa-miR-363-3p), objawach zapalenia błon płodowych (hsa-miR-629-5p, hsa-miR-18b-5p, hsa-miR-106-5p), objawach zagrożenia życia (hsa-miR-106-5p, hsa-miR-342-3p, hsa-miR-150-5p, hsa-miR-629-5p, hsa-miR-362-3p, hsa-miR-8b-5p), hipotrofii (hsa-mir-150-5p, hsa-mir-342-3p, hsa-328-3p), konieczności steroidoterapii (hsa-miR-106-5p, hsa-miR-106-3p), zapaleniu płuc (hsa-miR-106-3p, hsa-629-5p), ZZO (hsa-miR-126-5p) oraz wydłużonym czasem pobytu w OIT (hsa-miR-150-5, hsa-miR-342-3p

- w genach miR-106b, miR-629, miR-126 oraz miR-324 zidentyfikowano miejsca polimorficzne, odpowiednio: rs1527423, rs12901770, rs4636297 oraz rs61984548. Są one zlokalizowane poza regionem kodującym dojrzałe miRNA i tylko rs61984548 wykazuje wpływ na ekspresję miR-342

- wykazano, że fikolina-2 rozpoznaje komórki 2 izolatów klinicznych *Escherichia coli*; ustalono ich przynależność do serogrupy O15; jako ligand dla fikoliny-2 zidentyfikowano wielocukier, który otrzymano w formie oczyszczonej i wykorzystano do opracowania nowych metod, umożliwiających badanie stężenia fikoliny-2 oraz aktywności jej kompleksów z proteazami MASP.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: dotychczas opublikowano 2 artykuły w czasopiśmie *Frontiers in Immunology* [IF 7.561 (2020)] (kolejne manuskrypty w przygotowaniu). Wyniki prezentowane były także na 2 konferencjach międzynarodowych.

Projekt Nr 2015/19/B/NZ6/02978 (NCN- OPUS 10)

Tytuł: „RecA niezależna odpowiedź prątków gruźlicy na uszkodzenia DNA”.

Kierownik: dr hab. Anna Małgorzata Brzostek

Okres realizacji: 26.08.2016 – 25.08.2021

Głównymi celami prowadzonych badań była:

- identyfikacja czynników transkrypcyjnych regulujących globalny proces odpowiedzi komórki *M. tuberculosis* na uszkodzenia DNA wywołane MMC, działający niezależnie od obecności białka RecA, oraz poznanie mechanizmów regulacji ekspresji genów kontrolowanych przez zdefiniowane czynniki
- ocena roli białek DisA i RadA w procesach napraw DNA u prątków gruźlicy, jak również poznanie molekularnych mechanizmów naprawy DNA z udziałem tych białek.

Cele te realizowano przez:

- Globalną analizę transkryptomów (RNAseq) oraz proteomów (MS/MS) szczepu dzikiego oraz skonstruowanych mutantów prątka gruźlicy: [$\Delta recA$, $\Delta radA$, $\Delta disA$, $\Delta rv3517$, $\Delta rv3714c$, $\Delta (rv3714c, rv3517)$, $pafBC^{CRISPRi/dCas9}$, $\Delta (recA pafBC^{CRISPRi/dCas9})$], poddanych lub nie działaniu mitomycyny C. Analizy transkryptomów oraz globalnych profili białek pozwoliły na wyodrębnienie genów podlegających ekspresji w sposób zależny i niezależny od funkcjonalnego białka RecA. Pośród nich były czynniki transkrypcyjne kontrolujące ekspresję genów regulowanych w sposób niezależny od białka RecA, z głównym regulatorem PafBC oraz wyraźną nadekspresją represora z rodziny ArsR, który wiążąc się do miejsc „SOS box” uniemożliwia ekspresję genów regulowanych przez LexA. Naszą szczególną uwagę zwróciły nadreprezentowane pod wpływem MMC białka regulatorowe z rodziny AbiEi4 wywodzące się z systemów TA (toksyna-antytoksyna), często identyfikowane przed genami związanymi z naprawami DNA. Wyniki globalnych analiz transkryptomicznych pozwalających na charakterystykę RecA-niezależnej odpowiedzi prątków na uszkodzenia DNA zamieszczono w pracy **Brzostek et al., Cells. 2021 May; 10(5): 1168.**
- Konstrukcję ukierunkowanych mutantów *M. tuberculosis* pozbawionych funkcjonalnych genów kodujących identyfikowane czynniki transkrypcyjne z rodziny AbiEi4 ($rv3714c, rv3517, rv3555c, rv1073, rv1482$) oraz mutantów wielokrotnych pozbawionych dwóch lub więcej genów z wykorzystaniem dwuetapowego systemu homologicznej rekombinacji. Większa od oczekiwanej liczba mutantów genetycznych skonstruowanych w ramach projektu podyktowana była wynikami pojawiającymi się na kolejnych etapach prac. Udało się skonstruować mutant z równoczesną delecją czterech genów AbiEi4. Pomimo wielokrotnych prób nie było możliwe usunięcie piątego genu. Z tego względu postanowiono wykorzystać system CRISPR/Cas9 bazujący na plazmidzie pLJRF965 do wyciszenia genów u *Mtb*. Tak otrzymane mutanty pojedyncze i wielokrotne w kombinacji z delecją genu *recA* poddano analizom fenotypowym z wykorzystaniem szeregu czynników mutagennych takich jak: H₂O₂, ChP, UV, MMC. Dokładna analiza przeżywalności szczepów poprzez zliczanie jednostek koloniotwórczych (CFU) nie ujawniła znaczących zmian fenotypowych dla badanych mutantów za wyjątkiem $\Delta recA$ wykazującego nadwrażliwość na UV i MMC. Ponadto dla mutantów $\Delta rv3714c$ i podwójnego $\Delta (rv3714c, rv3517)$ przeprowadzono analizy transkryptomów w warunkach mutagennych (MMC) celem poszukiwania genów ulegających zmienionej ekspresji.

Nie zaobserwowano transkryptów o zwiększonej ekspresji dla genów kodujących białka naprawcze, natomiast zauważono, że delecja *rv3714c* wpływa na zwiększoną ekspresję *rv3517*, zaś delecja obu genów powoduje wzrost ekspresji kolejnego genu z rodziny *AbiEi4- rv1482*. **Pojawiające się w kolejnych latach dane bioinformatyczne sugerują aktywność nukleolityczną badanych białek *AbiEi4* wskazując na endonukleazy z rodziny *VSR*. Weryfikacja proponowanej funkcji dla białek rodziny *AbiEi4* będzie przedmiotem naszych dalszych badań.** Uzyskane wyniki pozwalające na opis funkcjonalny białek z rodziny *AbiEi4* prątków gruźlicy wymagają uzupełnienia dotyczącego potwierdzenia aktywności enzymatycznej badanych białek w celu opublikowania ich w prestiżowym czasopiśmie naukowym.

- Konstrukcję mutantów *M. tuberculosis* i *M. smegmatis* pozbawionych pojedynczych, funkcjonalnych genów zaangażowanych w naprawy uszkodzeń DNA: *disA*, *radA*, *ku*, *ligD*, *ligC*, *primC*, *recA* oraz mutantów z delecją dwóch lub więcej genów jednocześnie i analizę ich wrażliwości na czynniki mutagenne. W trakcie realizacji tego zadania przygotowano szereg mutantów *M. smegmatis*: $\Delta disA$; $\Delta radA$; $\Delta recA$; $\Delta(radA, recA)$; $\Delta(disA, radA, recA)$; Δku , $\Delta ku, ligD$; $\Delta ligC$, $\Delta(ligC, primC)$; $\Delta(ku, ligD, ligC, primC)$ oraz *M. tuberculosis*: $\Delta disA$, $\Delta radA$, $\Delta recA$, $\Delta(radA, recA)$, które poddano działaniu czynnikom oksydacyjnym (H_2O_2 , ChP), metylacyjnym (MMS) oraz wywołującym szerokie uszkodzenia materiału genetycznego (UV i MMC). Analizy przeżywalności szczepów prowadzono na podstawie tempa wzrostu poprzez pomiar gęstości optycznej hodowli, a także obserwacje przeżywalności mutantów na podłożach stałych (metoda kropkowa) lub zliczanie jednostek koloniotwórczych (CFU). Z naszych obserwacji fenotypowych wynika, że szczep pozbawiony jednocześnie funkcjonalnych genów *radA* i *recA* odznaczał się mniejszą wrażliwością na działanie MMC i promieniowania UV w stosunku do mutantu $\Delta recA$. Ponadto zaobserwowano znaczący statystycznie wzrost ekspresji genów *radA* i *disA* pod wpływem MMC i ofloksacyny. Wykorzystując chromatografię powinowactwa na złożach niklowym i kobaltowym oczyszczono preparaty białkowe DisA, RadA i RecA, które poddano badaniu oddziaływań. Wykorzystując pull down assay oraz termoforezę kapilarną wykazano wzajemne oddziaływania pomiędzy **DisA-RadA**, **RadA-RecA**, **DisA-RecA**. Dodatkowo w mutantach szczepu *M. smegmatis* mCherry *dnaN*, $\Delta radA$; mCherry *dnaN*, $\Delta(radA, disA)$, poddano ekspresji wybrane białka naprawy w fuzji z białkami fluorescencji DisA_HaloTag i RadA_HaloTag, w celu obserwacji lokalizacji białek w pojedynczych komórkach prątków w obecności czynnika mutagennego z wykorzystaniem mikroskopii w czasie rzeczywistym. Z naszych obserwacji wynika, że białko RadA lokalizuje w bliskim sąsiedztwie polimerazy DnaN a zastosowanie czynnika mutagennego powoduje jego oddalenie się od widełek replikacyjnych z jednoczesnym wzrostem ilości, co może wskazywać na funkcję RadA jako czynnika „sensorycznego” podczas zablokowanego procesu replikacji. Zebrane wyniki, po uzupełnieniu, zostaną przygotowane w postaci manuskryptu opisującego funkcję RadA/DisA w naprawie replikacyjnych uszkodzeń DNA. Mutanty pozbawione ligaz ATP-zależnych i primaz z rodziny AEP zostały scharakteryzowane pod względem fenotypowym i funkcjonalnym, a wyniki zamieszczone w publikacjach: **Brzostek et al., Genes (Basel) 2021 Apr; 12(4): 547** i **Brissett et al., Nat Commun. 2020; 11: 4196**.
- Poszukiwanie białek partnerskich dla białek RadA i DisA w komórkach prątków z wykorzystaniem chromatografii powinowactwa i spektrometrii mas. Realizując ten cel przygotowano konstrukty genetyczne niosące geny *disA* i *radA* z *Mtb* w fuzji z białkiem zielonej fluorescencji (eGFP) na wektorze pKW008, stanowiące „przynętę” dla wiążących się białek.

Białka współcyszczające się z białkami użytymi jako przynęta były następnie zidentyfikowane przy użyciu analiz spektrometrii mas w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie. Otrzymane surowe dane spektrometryczne były analizowane w naszym zespole badawczym przy użyciu oprogramowania MaxQuant (Max Plank Institute of Biochemistry, Niemcy) wobec dedykowanych proteomicznych baz danych, referencyjnych dla prątków (z zasobów Politechniki Federalnej w Lozannie, Szwajcaria, <https://mycobrowser.epfl.ch/>). Na podstawie przeprowadzonych analiz udało się potwierdzić, że białka **DisA i RadA ulegają współcyszczaniu**. Oba białka były wykrywalne w układzie gdzie nadprodukowano RadA-eGFP w komórkach *M. bovis* BCG. Dodatkowo wraz z RadA współcyszcział się czynnik zaangażowany w rekombinację DNA RarA (replication-associated recombination protein A), wykazujący podobieństwo sekwencji aminokwasów do składnika resolwazomu RuvB, oraz białko RecA. W jednym z preparatów, wraz z RadA pojawił się kolejny potencjalny składnik resolwazomu – białko RuvX. Ponadto poszukiwano białek partnerskich po zadziałaniu czynników uszkadzających DNA (MMC oraz MMS), wykorzystując do tego celu szczepy *M. smegmatis* nadprodukujące białka fuzyjne DisA-eGFP, eGFP-DisA oraz RadA-eGFP. W ten sposób zidentyfikowano współcyszczanie kilku słabo opisanych białek potencjalnie zaangażowanych w przeprowadzanie napraw uszkodzeń DNA u prątków jak np.: ATPazy (MSMEG_6241, MSMEG_3902, MSMEG_4583, PhrA, MSMEG_2731); helikazy (MSMEG_2174, MSMEG_5706 i MSMEG_1255) oraz innych czynników naprawczych jak: RecA, Ssb, RecF czy składniki kompleksu polimerazy DNA prątków. **Otrzymane wyniki doprowadziły nas do sformułowania hipotezy, że białka DisA i RadA mogłyby tworzyć w komórkach prątków kompleks białkowy analogiczny do resolwazomu struktur Holliday'a, gdzie DisA pełniłoby funkcję RuvA, RarA zastępowałoby RuvB, RuvX pełniłoby funkcję RuvC a RadA zastępowałoby RecA. Pełna weryfikacja przedstawionej hipotezy będzie przedmiotem dalszych badań prowadzonych w naszym zespole.**

Osiągnięcia

- Skonstruowano szereg mutantów *M. tuberculosis* i *M. smegmatis* typu knock-out i knock-down, w tym mutantów wielokrotnych, defektywnych pod względem produkcji białek zaangażowanych w naprawę DNA (RecA, DisA, RadA)
- Wykazano, że u prątków gruźlicy poza systemem SOS (LexA/RecA), w odpowiedzi na masowe uszkodzenia DNA wywołane mitomycyną C (MMC), większość genów kodujących białka naprawy DNA ulega RecA-niezależnej regulacji z głównym regulatorem PafBC i sensorycznym białkiem stresu Rv0081
- Zaobserwowano, że główne białka systemu NHEJ (białko Ku i LigD) oraz białka naprawcze systemu BER (LigC i PrimC) u prątków gruźlicy są regulowane niezależnie od funkcjonalnego białka RecA, a ich ekspresja jest zmniejszona na skutek stresu wywołanego MMC, z widocznym spadkiem ekspresji dla białka Ku.
- Dowiedziono, że białka DisA i RadA, potencjalnie zaangażowane w naprawy DNA ulegają zwiększonej ekspresji w komórkach *Mycobacterium* w odpowiedzi na uszkodzenia materiału genetycznego przez MMC na drodze RecA –niezależnej
- Zaproponowano wstępny model działania białek DisA i RadA, które mogą tworzyć w komórkach prątków kompleks białkowy analogiczny do resolwazomu struktur Holliday'a wraz białkami RarA i RuvX

- Wykazano wzajemne oddziaływania pomiędzy białkami DisA, RecA i RadA. Zidentyfikowano zwiększoną ekspresję pięciu potencjalnych genów z rodziny AbiEi4 wywodzących się z systemów toksyna-antytoksyna (TA), które po dogłębnej analizie bioinformatycznej zostały zaklasyfikowane do grupy enzymów nukleolitycznych z rodziny VSR.

Wpływ na dyscyplinę

Wyniki uzyskane w toku niniejszego projektu stanowią wkład w zakresie wiedzy o adaptacji i zdolności przeżywania prątków wolno- i szybko-rosnących w środowisku mutagennym. Uzyskane wyniki, z wykorzystaniem globalnego sekwencjonowania RNA (RNAseq) oraz profilowania białek, usystematyzowały informacje na temat regulacji ekspresji genów związanych z naprawami DNA w zależności od obecności funkcjonalnego białka RecA, ważnego z punktu widzenia wielu procesów komórkowych takich jak replikacja czy rekombinacja. Przeprowadzone analizy transkryptomów i proteomów dla badanych szczepów zostały zdeponowane w komputerowych bazach danych i stanowią narzędzie, z którego wiedza może być powszechnie dostępna dla innych badaczy. Ponadto zebrane dane bioinformatyczne mogą stanowić cenne źródło informacji dla wyselekcjonowania potencjalnych kandydatów mogących stanowić cel molekularny dla leków przeciwrzucliczych. Połączenie w naszych badaniach metod biologii molekularnej, mikrobiologii i bioinformatyki jest istotne dla rozwoju dyscypliny. Metody te wzajemnie się uzupełniają i pozwalają na weryfikację postawionych hipotez umożliwiając wyciąganie właściwych wniosków. Jednocześnie uzyskane wyniki dostarczają nowych danych, które będą mogły stanowić materiał do zaproponowania kolejnych badań pogłębiających wiedzę na temat tego groźnego patogenu człowieka.

Projekt Nr 2016/22/E/NZ3/00341(NCN- SONATA BIS 6)

Tytuł: „Neuromedyna U jako nowy potencjalny regulator przerzutowania w raku jelita grubego i odbytnicy”.

Kierownik: dr Patrycja Przygodzka

Okres realizacji: 05.05.2017 – 04.05.2022

Cel pracy: Wśród wszystkich nowotworów złośliwych występujących obecnie w Polsce rak jelita grubego i odbytnicy zajmuje trzecie miejsce pod względem umieralności. Dobór odpowiedniej terapii oraz tworzenie przerzutów to główne problemy w leczeniu choroby. Celem pracy jest weryfikacja hipotezy, że neuromedyna U (NMU) jest zaangażowana w regulację progresji raka jelita grubego i odbytnicy i jest potencjalnym markerem progresji choroby.

Opis zrealizowanych prac: 1. Zbadano działanie chemotaktyczne NMU względem makrofagów; 2. Zbadano wpływ medium z makrofagów traktowanych NMU na zdolności migracyjne komórek CRC; 3. Scharakteryzowano zmiany w ekspresji markerów powierzchniowych na makrofagach i komórkach śródbłonna pod wpływem działania NMU; 4. Określono wpływ NMU na komórki CRC z obniżoną ekspresją NMUR1; 5. Zbadano obecność receptora NMUR1 na płytkach krwi oraz w mikropęcherzykach płytkowych.

Opis najważniejszych osiągnięć: Otrzymane wyniki pozwalają stwierdzić, że obecność NMU w mikrośrodowisku guza raka jelita grubego wpływa modulująco na komórki nowotworowe, makrofagi i komórki śródbłonna mikronaczyniowego, co prowadzi do stworzenia mikrośrodowiska sprzyjającego rozwojowi choroby.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Zebrane wyniki pozwoliły na

- publikację pracy oryginalnej pt.: “Neuromedin U induces an invasive phenotype in CRC cells expressing the NMUR2 receptor” *J Exp Clin Cancer Res.* 2021 Sep 7;40(1):283. Przygodzka P, Sochacka E, Soboska K, Pacholczyk M, Papiewska-Pająk I, Przygodzki T, Płociński P, Ballet S, De Prins A, Boncela J. doi: 10.1186/s13046-021-02073-8.
- prezentację w formie plakatu w ramach *18th Biennial Congress of the Metastasis Research Society, 15th-17th November 2021, a virtual meeting space on-line* pt.: “Neuromedin U as a modulator of CRC microenvironment – induction of colorectal cancer cells and macrophages motility.” Soboska Kamila, Sochacka Ewelina, Pacholczyk Marcin, Izabela Papiewska-Pająk, Braun Marcin, Michał Kiełbik, Boncela Joanna, Przygodzka Patrycja (poster nr 75).

Projekt Nr 2016/23/B/NZ7/01204 (NCN- OPUS 12)

Tytuł: „Identyfikacja ligandów *Mycobacterium tuberculosis* wiążących ludzki surowiczy amyloid A (SAA) oraz określenie biologicznej roli interakcji prątków gruźlicy z SAA”.

Projekt realizowany w konsorcjum, Kierownik projektu dr hab. Bożena Dziadek Uniwersytet Łódzki; Wydział Biologii i Ochrony Środowiska (lider), **Instytut Biologii Medycznej PAN,**

Kierownik zespołu badawczego w IBM PAN: prof. Jarosław Dziadek

Okres realizacji: 03.08.2017 – 02.08.2022

Cele pracy: Prowadzone badania zmierzają do oceny roli surowiczego amyloidu A (SAA) w zakażeniach prątkiem gruźlicy.

Opis zrealizowanych prac:

Kontynuując badania z poprzednich lat przeprowadzono analizy wyników badań transkryptomicznych dla makrofagów pozyskanych od 4 zdrowych dawców. Każdy preparat komórek izolowanych z ludzkich kożuszków monocytarno-makrofagowych był podzielony na 12 niezależnych prób, 4 układy badawcze w 3 powtórzeniach: 1) makrofagi nietraktowane, 2) makrofagi traktowane surowiczym amyloidem A (SAA) ludzkiego pochodzenia, 3) makrofagi zakażone prątkami gruźlicy, 4) makrofagi traktowane SAA i zakażone prątkami gruźlicy.

Dane surowe z sekwencjonowania bibliotek RNA/cDNA były analizowane z wykorzystaniem klastera obliczeniowego Instytutu Biologii Medycznej PAN w Łodzi, przy użyciu oprogramowania: Cutadapt – dla odcięcia sekwencji flankujących cDNA, Sickle – w celu odfiltrowania odczytów zbyt krótkich, lub o złej jakości sekwencjonowania, STAR – w celu zmapowania odczytów sekwencjonowania do wzorcowego genomu ludzkiego i zliczenia ilości odczytów do poszczególnych transkryptów. Wyniki zliczeń odczytów posłużyły do przygotowania macierzy dla wyznaczenia różnic w ekspresji między poszczególnymi próbkami/warunkami, z wykorzystaniem platformy obliczeniowej Degust (degust.erc.monash.edu), przy użyciu standardowych parametrów wyszukiwania z algorytmem Voom/Lima. Analizy porównawcze pozwoliły na uwidocznienie licznych zmian w odpowiedzi makrofagów ludzkich zarówno na samo SAA, jak również na prątki gruźlicy użyte same lub w skojarzeniu z SAA. Większość obserwowanych zmian dotyczyło transkryptów dla białek zaangażowanych w odpowiedź immunologiczną i odpowiedź na zakażenie patogenami wewnątrzkomórkowymi. Następnie wybrano grupy genów znacząco zwiększających poziom ekspresji w obecności prątków gruźlicy, w obecności SAA oraz równocześnie w obecności SAA i prątków gruźlicy. Przeprowadzono także walidację uzyskanych wyników transkryptomicznych z zastosowaniem

ilościowego PCR. Przeprowadzone analizy danych pozwoliły na wybór panelu cytokin dla analizy odpowiedzi ludzkich makrofagów zależnej od obecności prątków gruźlicy lub SAA.

Najważniejsze osiągnięcia:

1. Zidentyfikowano wiązanie pomiędzy ludzkim surowiczym amyloidem A oraz komórkami prątków gruźlicy.
2. Zidentyfikowano ligandy *M. tuberculosis* odpowiedzialne za wiązanie SAA
3. Wykazano, że wiązania SAA przez prątki gruźlicy promuje proces fagocytozy prątków przez makrofagi
4. Oceniono globalną odpowiedź makrofagów na infekcję prątkami gruźlicy, na infekcję prątkami gruźlicy w obecności SAA oraz na obecność SAA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki opublikowano w pracy: Kawka M, Brzostek A, Dzitko K, et al. *Mycobacterium tuberculosis* Binds Human Serum Amyloid A, and the Interaction Modulates the Colonization of Human Macrophages and the Transcriptional Response of the Pathogen. *Cells*. 2021;10(5):1264. Wyniki badań transkryptomicznych oraz panelu cytokin staną się podstawą przygotowania kolejnego manuskryptu.

Projekt Nr 2017/25/B/NZ7/01290 prof. Jarosław Dziadek (NCN- OPUS 13)

Tytuł: Enzymy metabolizmu RNA, PAP I i PNPaza, jako miejsca docelowe dla nowych leków przeciwprątkowych i ich funkcjonalna charakterystyka.

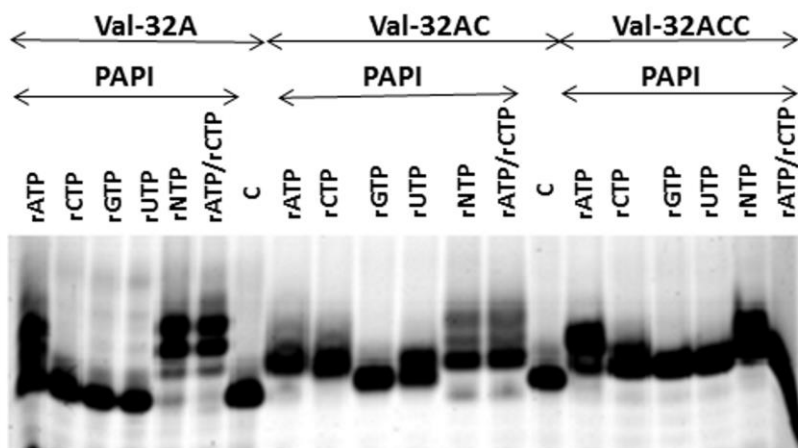
Kierownik: prof. dr hab. Jarosław Dziadek

Okres realizacji: 06.02.2018 – 05.02.2022

Cel pracy: Identyfikacja roli białka PAPI w metabolizmie RNA i DNA u mykobakterii.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 przy zastosowaniu metody CRISPR-Cas9 uzyskano szczepy-mutanty *M. tuberculosis* oraz *M. smegmatis* z indukowaną (aTc) deplecją białka PAPI. Przeprowadzono analizy tempa wzrostu uzyskanych szczepów w obecności, lub nie, aTc w różnych warunkach (bogate i ubogie podłoże, różne wartości pH, hypoxia, obecność czynników mutagennych). Przeprowadzono analizy transkryptomiczne szczepu charakteryzującego się normalnym oraz obniżonym poziomem białka PAPI z wykorzystaniem standardowej analizy RNASeq a także analizy ukierunkowanej na małe cząsteczki RNA oraz analizy frakcji RNA wzbogaconej na perełkach opłaszczonych oligonukleotydem poliT. Przeprowadzono analizy uzyskanych wyników transkryptomicznych oceniając ilościowo ogólny poziom transkryptów dla genów podlegających ekspresji, niedojrzałych cząsteczek tRNA, dojrzałych cząsteczek tRNA oraz sRNA, transkryptów podlegających procesowi poliadenylacji. Kontynuowano także badania in vitro z zastosowaniem rekombinowanego białka PAPI oraz jego zmutowanej formy (mutacja w domenie HD).

A



B



Badanie aktywności tRNA nukleotydylotransferazy białka PAPI w warunkach *in vitro*.

Opis najważniejszych osiągnięć:

- W warunkach *in vitro* wykazano, że PAPI posiada aktywność:
 - tRNA nukleotydylotransferazy
 - metalo-zależnej fosfatazy
 - fosfodiesterazy w obecności cAMP
 - nukleazy w stosunku do wydłużonego 3'-końca tRNA
- W warunkach *in vivo* wykazano, że:
 - PAPI posiada aktywność enzymu syntetyzującego sekwencję CCA na 3' końcu tRNA oraz tmRNA
 - Niedobór PAPI powoduje akumulację niedojrzałych cząsteczek tRNA
 - Niedobór PAPI powoduje deplecję tRNA klasy II w komórkach prątków
 - Akumulacja defektywnych tRNA w komórce wynikająca z niedoboru PAPI indukuje proces ich poliadenylacji
- Wykazano, że deplecja PAPI w komórkach mykobakterii powoduje ich uwrażliwienie na czynniki uszkodzające DNA

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Część uzyskanych wyników została opublikowana w pracy *Brissett et al. Nat Commun. 2020;11(1):4196*. Zasadniczą część wyników przygotowano w postaci manuskryptu Błaszczyk i wsp. i wysłano do recenzji.

Projekt Nr 2017/25/B/NZ7/00124 (NCN- OPUS 13)

Tytuł: „Nowe 2,4-dipodstawione pochodne pirydyny - synteza, aktywność przeciwpłatkowa in vitro, model farmakoforowy, cele molekularne oraz mechanizm działania wobec szczepów *Mycobacterium tuberculosis*”.

Projekt realizowany w konsorcjum, Kierownik projektu dr hab. dr hab. Katarzyna Gobis - Gdański Uniwersytet Medyczny (lider); Wydział Farmaceutyczny z Oddziałem Medycyny Laboratoryjnej, Instytut Biologii Medycznej PAN kierownik zespołu badawczego w IBM PAN – prof. Jarosław Dziadek

Okres realizacji: 21.02.2018 – 20.08.2022

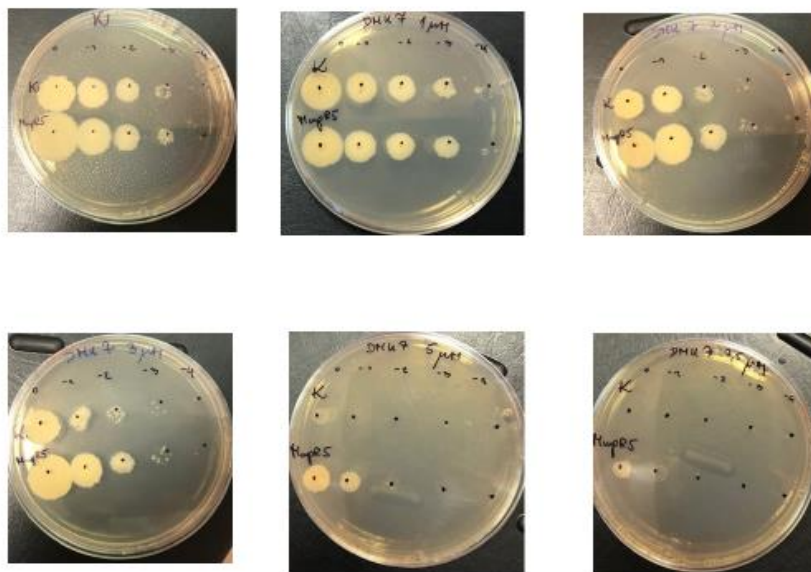
Cele pracy: Prowadzone badania zmierzają do oceny właściwości pochodnych 4-chloropikolinonitrylu jako potencjalnych leków przeciwgruźliczych.

Opis zrealizowanych prac:

Do wykazania właściwości przeciwgruźliczych pochodnych 4-chloropikolinonitrylu wykorzystano 4 związki: DMK-7, DMK-10, DMK-20 i DMK-24, dla których wyznaczono MIC50 i MIC90 dla szczepu *M. tuberculosis* H₃₇Rv.

Z uwagi na niestabilność związków DMK10 i DMK20 (wzrost na podłożu z dodatkiem 10xMIC) do dalszych badań zmierzających do pozyskania mutantów *M. tuberculosis* opornych na wysokie stężenia badanych związków wykorzystano związki DMK7 i DMK24. Ze szczepów mutantów, opornych na wysokie stężenia DMK7: 15 i 20 μM (10 x MIC) wyizolowano genomowy DNA, który poddano globalnemu sekwencjonowaniu genomu metodą NGS z wykorzystaniem Genome Sequencer MiSeq (Illumina). Przeprowadzone analizy pozwoliły na identyfikację obecności mutacji w genie *mmpR5* (Rv0678) wszystkich badanych mutantów. Zaobserwowano mutacje Leu/95Ser, Glu/113Lys, Ala102fs. Następnie skonstruowano wektory integracyjne z funkcjonalną kopią genu *mmpR5* oraz z genem noszącym zidentyfikowane w opornych szczepach mutacje. Otrzymane wektory transformowano do szczepu dzikiego *M. tuberculosis*. Ponadto przygotowano szczep *M. tuberculosis* z wyciszoną ekspresją genu *mmpR5*, poprzez wykorzystanie systemu CRISPR-Cas9 i wektora pLJR965.

Następnie szczep *M.tb mmpR5*^{CRIPR-Cas9} poddano analizom wzrostu na podłożu stałym 7H10 w obecności różnych stężeń związku DMK7. Zaobserwowano zwiększoną przeżywalność szczepu *M.tb mmpR5*^{CRIPR-Cas9} na badanym podłożu z dodatkiem wysokich stężeń DMK7 (5μM i 7.5 μM) (Rys.1). Zmiany we wrażliwości szczepu nie zaobserwowano natomiast w mutantach merodiploidalnych noszących zarówno formę dziką genu *mmpR5* jak zawierającą badane mutacje.



Rys.1. Wzrost szczepu *M.tb mmpR5*^{CRIPR-Cas9} w obecności różnych stężeń związku DMK7.

Przeprowadzono również badania cytotoksyczności związków DMK-7 oraz DMK-24 w stosunku do ludzkich makrofagów izolowanych z kożuszków leukocyarno-makrofagowych. Określono wartość IC50 dla obu związków.

Przeprowadzono badania bójczego działania badanych związków w stosunku do prątków gruźlicy znajdujących się w ludzkich makrofagach. Wykazano zdolność badanych związków do eliminacji wewnątrzkomórkowych prątków w hodowli *in vitro*.

Wykazano zdolność DMK-7 oraz DMK-24 do hamowania procesu tworzenia biofilmów przez prątki gruźlicy a także do działania bójczego na prątki tworzące biofilm bakteryjny.

Najważniejsze osiągnięcia:

1. DMK-7 oraz DMK-24 posiadają aktywność bakteriobójczą w stosunku do prątków gruźlicy w niskich stężeniach
2. DMK-7 oraz DMK-24 wykazują aktywność bójczą w stosunku do prątków gruźlicy znajdujących się w ludzkich makrofagach w stężeniach, które są nietoksyczne dla komórek gospodarza
3. DMK-7 oraz DMK-24 hamują tworzenie biofilmów przez prątki gruźlicy oraz działają bójczo na bakterie tworzące biofilm
4. Częstość nabywania oporności na DMK-7 oraz DMK-24 przez prątki gruźlicy jest niższa niż $1/10^8$ a odporne mutanty selekcjonowane na podłożach stałych nie są w stanie namnażać się na podłożach płynnych w obecności badanych związków
5. Mechanizm nabywania oporności na związki DMK-7 oraz DMK-24 oparty jest o akumulację mutacji lub zmniejszenie poziomu ekspresji genu *mmpR5*.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Uzyskane wyniki są przedmiotem publikacji przygotowywanej do druku.

Projekt Nr 2018/29/B/NZ5/01756 (NCN- OPUS 15)

Tytuł: „Jak mikropęcherzyki płytkowe wpływają na inwazyjność komórek raka jelita grubego w procesie metastazy. Czy możemy to zmienić?”

Kierownik: prof. dr hab. Maria Anna Kowalska

Okres realizacji: 24.01.2019 – 23.01.2023

Cel pracy: Celem pracy jest ustalenie jak mikrocząsteczki płytkowe mogą być modyfikowane tak, aby były mniej szkodliwe w czasie progresji nowotworowej. Ustalimy jaki jest skład białkowy mikrocząsteczek płytkowych powstających w krążeniu, gdy komórki raka jelita grubego (CRC) oddziałują z nimi w naczyniach krwionośnych. Wyizolujemy mikrocząsteczki płytkowe z krwi zdrowych osób i zbadamy jak są one pobierane przez komórki nowotworowe wyizolowane od chorych na różnym etapie progresji raka jelita grubego i odbytnicy. Określimy również w jaki sposób mikrocząsteczki wpływają na własności inwazyjne komórek rakowych oraz jak możemy zahamować ten proces. Ponadto zbadamy wpływ mikrocząsteczek płytek krwi (PMP) i ich niektórych składników na progresję nowotworową w modelach zwierzęcych.

Opis zrealizowanych prac: W poprzednim roku określiliśmy wpływ ludzkich mikrocząstek płytkowych (PMP) na migrację komórek CRC o różnym stopniu zaawansowania procesów nowotworowych (linie HT29, SW480 oraz SW620). W dalszej części pracy określiliśmy czy po inkorporacji PMP do CRC dochodzi do zmian w: a) ilości CXCR4 na powierzchni oraz wewnątrz CRC; b) stopniu proliferacji komórek gospodarza; c) poziomu fosforylacji kinaz ERK1/2; d) aktywności/ilości metaloproteaz (MMPs) na powierzchni CRC. W badaniach *in vivo* przeprowadzonych na mysim modelu raka jelita grubego zweryfikowaliśmy czy PMPs po inkorporacji do CRC i/lub po iniekcji dożylniej mają wpływ na metastazę komórek nowotworowych. Wykorzystując cytometrię przepływową oznaczyliśmy aktywację i reaktywność płytek krwi oraz agregaty płytek krwi z krążącymi komórkami nowotworowymi.

Opis najważniejszych osiągnięć: Wykazano, iż mikrocząstki pochodzenia płytkowego (PMPs), po internalizacji do komórek różnych linii nowotworowych, zwiększają migrację komórek o niskim potencjale inwazyjności (HT29) natomiast nie wykazują istotnego wpływu na komórki charakteryzujące się większą zdolnością metastatyczną (SW620). W dalszej części badań zaobserwowaliśmy, iż ilość frakcji powierzchniowej jak i wewnątrzkomórkowej CXCR4 nie ulega istotnej zmianie po inkorporacji mikropęcherzyków płytkowych do komórek CRC co sugeruje, iż to nie zmiany w ilość CXCR4 pod wpływem PMPs są odpowiedzialne za zwiększony potencjał migracyjny/inwazyjny CRC. Ponadto nie wykazaliśmy, aby mikropęcherzyki nasilały fosforylację ERK1/2 po internalizacji do komórek gospodarza. Zaobserwowaliśmy, iż zwiększona migracja wszystkich badanych linii komórkowych po inkorporacji mikropęcherzyków płytkowych przez żelatynę była zależna od MMP-2, co może wskazywać, iż PMPs indukują zmiany w ilości/aktywności tej metaloproteazy w komórkach gospodarza. Analiza ilości MMP-2, jaki i MMP-9 nie potwierdziła w sposób jednoznaczny, aby dochodziło do zwiększenia puli tych białek w CRC pod wpływem PMPs. W badaniach *in vivo* wykazaliśmy rozwój guza pierwotnego u wszystkich badanych grup zwierząt, jednak nie stwierdziliśmy makroskopowych zmian w płucach oraz wątrobach. Natomiast zaobserwowaliśmy nasiloną aktywację spoczynkową oraz obniżoną odpowiedź płytek krwi na stymulację *ex vivo* płytek krwi u myszy z zaindukowaniem raka jelita grubego, w porównaniu do myszy zdrowych. To może wskazywać, iż w wyniku rozwoju guza

pierwotnego dochodzi do zwiększonej aktywacji płytek krwi krążących pod wpływem komórek nowotworowych, Dalsze badania *ex vivo* na materiale biologicznym pozyskanym od myszy zostaną przeprowadzone na początku roku 2022.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Na konferencji International Society of Extracellular Vesicles, Konferencja wirtualna, 18-21 Maj 2021 roku, został przedstawiony poster pod tytułem: *Can the platelet-derived extracellular vesicles change invasiveness of colorectal cancer cells by transferring the chemokine receptor 4?* Autorzy: Hassan Kassassir, Izabela Papiewska-Pajak, Jakub Kryczka, M. Anna Kowalska.

Projekt Nr 2018/31/B/NZ6/03514 (NCN, OPUS 16)

Tytuł: „Oddziaływanie gospodarz-patogen: bakteryjne pęcherzyki błony zewnętrznej jako tarcza dla układu dopełniacza”.

Projekt realizowany przez konsorcjum: **Instytut Biologii Medycznej PAN (lider)**, Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda PAN oraz Uniwersytetu Śląskiego.

Kierownik: Prof. dr hab. Anna Świerzko

Okres realizacji: 04.07.2019 – 03.07.2023

Cel pracy: Celem projektu jest ocena interakcji lipopolisacharydu (LPS, endotoksyna) związanego z pęcherzykami błony zewnętrznej (outer membrane vesicles, OMV) *Yersinia enterocolitica* z układem dopełniacza i wpływ tych oddziaływań na rozwój ogólnoustrojowej reakcji zapalnej.

Opis zrealizowanych prac: Pęcherzyki bakterii Gram-ujemnych są produktami uwypuklenia błony zewnętrznej (outer membrane vesicles, OMV). Są one rozpatrywane jako ważne czynniki zjadliwości, gdyż mogą uczestniczyć w rozwoju ogólnoustrojowej reakcji zapalnej (systemic inflammatory response syndrome, SIRS) u gospodarza, a nawet doprowadzić do jego śmierci, co udowodniono wykorzystując model zwierzęcy. *Yersinia enterocolitica* O:3 (Ye O:3) jest patogenem, najczęściej powodującym zakażenia układu pokarmowego. Unikalną cechą tej bakterii jest zdolność do namnażania się w szerokim zakresie temperatur (<4°C - >40°C), zależna od temperatury ekspresja większości czynników zjadliwości oraz wyjątkowa architektura cząsteczki LPS. W roku 2021 otrzymano pęcherzyki wydzielane przez komórki szczepu dzikiego *Yersinia enterocolitica* 6471/76 oraz dwóch mutantów LPS: R1 o chemotypie Ra oraz M205 o chemotypie Re, hodowanych w trzech temperaturach: 37°C, 22°C oraz 4°C, w objętości 6 litrów podłoża. Pęcherzyki otrzymano przez ultrawierowanie zatężonego podłoża pohodowlanego i oczyszczono stosując gradient OptiPrep. W otrzymanych preparatach oznaczano stężenie białka, przeprowadzono analizy DLS (średni rozkład wielkości) oraz oceniono stężenie Kdo (typowy składnik regionu rdzenia wewnętrznego LPS). Obecność pęcherzyków potwierdzono w mikroskopii elektronowej TEM. Z uzyskanych mas bakteryjnych otrzymano także preparaty LPS do analiz strukturalnych. Zadania te zostały wykonane przez konsorcjantów z Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach oraz Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN. Wykorzystując otrzymane preparaty, rozpoczęto badania aktywacji dopełniacza (IBM PAN). Dzięki współpracy z Prof. Mikaelem Skurnikiem (University of Helsinki, Finlandia) otrzymano cztery mutanty: o chemotypie dzikim, Ra, Rd i Re LPS, z ekspresją białka gfp w przestrzeni periplazmatycznej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Planuje się publikację wyników w czasopiśmie o zasięgu międzynarodowym oraz ich prezentację na konferencjach.

Projekt Nr 2019/33/B/NZ7/00795 (NCN OPUS 17)

Tytuł: „Zastosowanie sztucznej inteligencji opartej na liczeniu maszynowym do poszukiwania nowych substancji modulujących aktywność RORgamma/RORgammaT”.

Kierownik: dr hab. Marcin Ratajewski

Okres realizacji: 06.02.2020- 02.05.2023

Cel pracy: Identyfikacja związków chemicznych modulujących aktywność receptorów ROR γ /ROR γ T przy zastosowaniu technik opartych na uczeniu maszynowym.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 kontynuowano realizację projektu 2019/33/B/NZ7/00795. Przeprowadzono wirtualny skrining biblioteki chemicznej, którą wcześniej weryfikowano eksperymentalnie.

Opis najważniejszych osiągnięć: Przy zastosowaniu technik komputerowych zidentyfikowano związki podobne do kwasu ursolowego, który był jednym z najwcześniej wykrytym odwrotnym agonistą receptora ROR γ T. Przy zastosowaniu technik eksperymentalnym udało się odróżnić związki aktywne od nieaktywnych względem tego receptora. Co więcej, dalsza analiza komputerowa badanych związków pokazała, że ich zdolność do oddziaływania ze wskazanym receptorem zależy od stereo izomeru tego związku.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Uzyskane w ramach realizacji projektu wyniki stały się podstawą publikacji: **Cardiac glycosides with target at direct and indirect interactions with nuclear receptors.** Karaś K, Sałkowska A, Dastych J, Bachorz RA, Ratajewski M. **Biomed Pharmacother.** 2020 Jul;127:110106.

Projekt Nr 2019/33/B/NZ7/0287 (NCN, OPUS 17)

Tytuł: „Badania mechanizmów molekularnych związanych z zakażeniami HIV i CMV w patogenezie raka jajnika”.

Projekt realizowany przez konsorcjum: **Lider: Instytut Biologii Medycznej PAN;** Instytut „Centrum Zdrowia Matki Polki”; Uniwersytet Medyczny w Łodzi

Kierownik: dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN

Okres realizacji: 01.10.2020 – 30.09.2023

Cel pracy: Głównym celem projektu jest określenie mechanizmów molekularnych, które warunkują rozwój nabłonkowego raka jajnika wywołanego zakażeniem HPV i określeniem roli CMV w tym procesie. Podczas realizacji projektu podejmujemy próbę określenia czynników wirusowych i gospodarza zaangażowanych w przebieg zakażenia i wpływających na rozwój raka jajnika. Będziemy także badać rolę CMV i współzakażenia w rozwoju raka jajnika. Wymaga to określenia oraz poznania czynników ryzyka, jak również procesów i mechanizmów na styku patogen – gospodarz. Wyniki badań dostarczą informacji o prevalencji, częstości występowania genotypów wirusów, zmienności antygenowej struktur wirusowych, zależności między genotypem a patogennością, jak również wewnątrzkomórkowych białkach sygnałowych i czynnikach transkrypcyjnych, które umożliwiają indukcję odpowiedzi przeciwwirusowej i czynników prowadzących do rozwoju procesu nowotworowego. Projekt realizowany przez konsorcjum: Instytut

Biologii Medycznej PAN, Uniwersytet Medyczny w Łodzi i Instytut Centrum Zdrowia Matki Polki w Łodzi.

Opis zrealizowanych prac: Zgromadzono materiał kliniczny od pacjentek z nabłonkowym rakiem jajnika, w tym z surowiczym rakiem wysokozróżnicowanym (HGSOC). Grupę kontrolną w prowadzonych badaniach stanowiły guzy łagodne jajnika. Określono prevalencję i częstość występowania typów HPV o wysokim potencjale onkogennym. Opracowano metody wykrywania kwasów nukleinowych HPV16, HPV18 i CMV oraz oceny ilościowej produktu przy użyciu technologii emulsyjno-kropelkowej (droplet digital PCR, ddPCR). Częstość występowania wirusowego DNA w materiałach klinicznych określono przy zastosowaniu metody jakościowej nested PCR i sekwencjonowania oraz metod ilościowych: ddPCR oraz qRT-PCR.

Opis najważniejszych osiągnięć: Wykazano, że typy HPV o wysokim potencjale onkogennym i CMV mogą występować w tkance guza, strzępkach jajowodu i krwi w przypadkach raka jajnika oraz w guzach łagodnych. Liczba kopii DNA HPV w materiałach klinicznych była niska i wymagała zastosowania czułych metod detekcji. Obecność DNA HPV16 potwierdzono metodami nPCR, ddPCR i qRT-PCR oraz HPV18 (ddPCR i w pojedynczych przypadkach nPCR). Wyniki badań wykazały, że ddPCR jest optymalną metodą wykrywania wirusowego DNA i oceny ilościowej produktów amplifikacji. W badanych dotychczas przypadkach pierwotnego i przerzutowego raka jajnika, DNA HPV16 metodą ddPCR wykryto w 35% badanych guzów, natomiast HPV18 w 51% przypadków. Jednakże średnie liczby kopii DNA HPV16 były dwukrotnie wyższe w porównaniu do HPV18.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

34th International Papillomavirus Conference (IPVC 2021) 15-19.11.2021. Kanada, Toronto (on-line) w postaci e- posteru: E. Paradowska, K. Kania, D. Haręża, M. Kawecka, D. Jarych, M. Wilczyński, A. Malinowski, J. Wilczyński. Detection of HPV16 in ovarian cancer and fallopian tube specimens. P122 / #603.

Daria A. Haręża, Jacek R. Wilczyński, Edyta Paradowska. Human papillomaviruses as infectious agents in gynecological cancers. *Oncogenic Properties of Viral Proteins (Review)*. *International Journal of Molecular Sciences* (w recenzji)

Projekt Nr 2019/33/B/NZ1/02770 (NCN, OPUS 17)

Tytuł: „Weryfikacja roli białek - przewidywanych czynników naprawczych, biorących udział w naprawach pęknięć DNA u mykobakterii”.

Kierownik: dr Przemysław Płociński

Okres realizacji: 01.10.2020 – 30.09.2023

Cel pracy: Analiza funkcjonalna potencjalnych białek naprawy DNA – Msmeg_1891 i Rv3226c – u prątków z rodzaju *Mycobacterium*.

Głównym celem pracy jest określenie funkcji białek zawierających domenę proteazy związanej z odpowiedzią SOS (SRAP, z ang. *SOS Response Associated Peptidase*) w procesy naprawy uszkodzeń DNA u prątków z rodzaju *Mycobacterium*. Badania mają na celu zidentyfikowanie konkretnego szlaku naprawy, w którym uczestniczą białka SRAP, sprawdzenie ich udziału w naprawach zależnych od replikacji DNA oraz napraw pojedynczych lub podwójnych nieciągłości w nici DNA.

Opis zrealizowanych prac:

1. Konstrukcja mutantów typu knock - out *M. smegmatis* i *M. tuberculosis*, pozbawionych odpowiednio genów *msmeg_1891* oraz *rv3226c*, z wykorzystaniem metody rekombinacji homologicznej i wektora samobójczego p2NIL.
2. Konstrukcja mutantu knock - down *M. smegmatis* z wyciszonym poziomem ekspresji genu *msmeg_1891* z wykorzystaniem systemu CRISPR/dCas9 w oparciu o plazmid pLJR962.
3. Wstępna analiza przeżywalności (CFU, z ang. colony forming units) szczepów delecyjnych oraz szczepu z wyciszonym poziomem ekspresji genu *msmeg_1891* po ekspozycji hodowli na różne czynniki uszkadzające DNA, np. powodujące uszkodzenia oksydacyjne, metylację zasad azotowych czy pęknięcia nici DNA.
4. Oczyszczenie preparatów rekombinowanego białka Msmeg_1891 w fuzji ze znacznikiem polihistydynowym (10xHis, His-Tag) z wykorzystaniem techniki chromatografii metalopowinowactwa na złożu niklowym, oraz wykorzystaniu systemu AKTA z użyciem kolumny jonowymiennej oraz kolumny do filtracji żelowej.
5. Określenie zdolności wiązania DNA przez białko Msmeg_1891 z zastosowaniem techniki EMSA (z ang. Electrophoretic Mobility Shift Assay). Określenie siły wiązania DNA jednoniciowego, dwuniciowego oraz dwuniciowego zawierającego uszkodzenie lub nieciągłość jednej z nici.
6. Wstępne wytypowanie białek partnerskich dla białka Msmeg_1891 przy wykorzystaniu technik chromatografii powinowactwa sprzężonej ze spektrometrią mas, izolując kompleksy białkowe tworzone przez białko natywne (przy zastosowaniu przeciwciał skierowanych przeciwko Msmeg_1891).

Opis najważniejszych osiągnięć:

1. Konstrukcja mutantów typu knock - out *M. smegmatis* i *M. tuberculosis*, pozbawionych odpowiednio genów *msmeg_1891* oraz *rv3226c*, z wykorzystaniem metody rekombinacji homologicznej i wektora samobójczego p2NIL potwierdzone techniką PCR oraz Southern blot. Zrealizowanie powyższego zadania badawczego umożliwiło otrzymanie szczepów, które następnie zostały wykorzystane we wstępnych analizach fenotypowych po ekspozycji hodowli na wybrane czynniki genotoksyczne.
2. Konstrukcja mutantu knock - down *M. smegmatis* z wyciszonym poziomem ekspresji genu *msmeg_1891* z wykorzystaniem systemu CRISPR/dCas9 w oparciu o plazmid pLJR962 potwierdzona techniką western blot. Zrealizowanie powyższego zadania badawczego umożliwiło otrzymanie szczepu, który następnie poddany został analizom fenotypowym z wykorzystaniem wybranych czynników genotoksycznych. Wykazano znaczny spadek przeżywalności szczepu z wyciszonym poziomem ekspresji genu *msmeg_1891* w porównaniu do szczepu kontrolnego *M. smegmatis* mc² po ekspozycji na działanie 0,4% MMS (metanosulfonian metylu).
3. Oczyszczenie preparatów rekombinowanego białka Msmeg_1891 w fuzji ze znacznikiem polihistydynowym (10xHis, His-Tag) z wykorzystaniem techniki chromatografii metalopowinowactwa na złożu niklowym, oraz wykorzystaniu systemu AKTA z użyciem kolumny jonowymiennej oraz kolumny do filtracji żelowej umożliwiło wykorzystanie tego białka do potwierdzenia możliwości jego wiązania się do jedno- i dwuniciowych substratów DNA.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Otrzymane wyniki zostały wykorzystane jako materiał przedstawiony na międzynarodowej konferencji: ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021, *Determination of the Msmeg_1891 role in response to DNA damage in M. smegmatis*.

Projekt Nr 2019/34/E/NZ6/00221 (NCN, SONATA BIS 9)

Tytuł: „Wykorzystanie wzorców ewolucyjnych w optymalizacji chemioterapii gruźlicy”.

Projekt realizowany przez konsorcjum: **Instytut Biologii Medycznej PAN (lider)**; Instytut Farmakologii PAN; Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc

Kierownik: dr Alina Minias

Okres realizacji: 01.10.2020 – 30.09.2023

Cel pracy: Celem projektu jest identyfikacja wzorców ewolucyjnych w genie *rpoB* oraz w genach kompleksu gyrazy *gyrA* i *gyrB*, generowanych siłą doboru naturalnego, określenie ich znaczenia w nabywaniu oporności na lek przez *M. tuberculosis* i identyfikacja konserwatywnych aminokwasów celem wskazania miejsc wiązania nowych potencjalnych leków przeciwprątkowych..

Opis zrealizowanych prac:

- Uzyskano mutanty genetyczne *M. tuberculosis* pozbawionych natywnych wersji genów *rpoB*, *gyrA* i *gyrB*, noszące dodatkowe kopie poszczególnych genów w miejscu *attB* genomu prątka
- Zidentyfikowano pozycje aminokwasowe białek RpoB, GyrA i GyrB znajdujące się pod wpływem działania doboru naturalnego
- Oczyszczono białka kompleksu gyrazy
- Opracowano test *in vitro* aktywności kompleksu gyrazy

Opis najważniejszych osiągnięć:

Opracowano test *in vitro* kompleksu gyrazy umożliwiający ocenę działania potencjalnych inhibitorów. Funkcjonalność testu została zweryfikowana wobec powszechnie znanych inhibitorów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Przygotowano tekst pracy naukowej „Utility of identifying signatures of positive selection in drug resistance-associated proteins of *Mycobacterium tuberculosis*” na podstawie wyników dotyczących wpływu doboru naturalnego na poszczególne pozycje aminokwasowe białek związanych z lekoopornością gruźlicy. Praca została wysłana do recenzji w czasopiśmie *Molecular Biology and Evolution*.

Projekt: 2019/35/N/NZ7/01618 (NCN PRELUDIUM 18)

Tytuł: „Molekularne mechanizmy interakcji receptorów ROR γ /ROR γ T z inhibitorem kinaz zależnych od cytokin (AT7519). Analiza tkankowo-swoistego oddziaływania i aktywacji limfocytów Th17”.

Kierownik: mgr inż. Kaja Karaś

Okres realizacji: 02.07.2020 – 01.07.2022

Cel pracy: Poznanie mechanizmów oddziaływania związku AT7519 z receptorami ROR γ /ROR γ T.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 kontynuowano realizację projektu 2019/35/N/NZ7/01618. Przeprowadzono szereg badań, które nie wykazały, że AT7519 oddziałuje z domeną wiążącą ligand receptorów ROR γ /ROR γ T. Działanie AT7519 na zależne od tych receptorów geny, zależy od wpływu jaki ten związek wywiera na ekspresję ROR γ /ROR γ T.

Opis najważniejszych osiągnięć: AT7519 hamuje ekspresję genu ROR γ w komórkach raka wątrobowokomórkowego oraz hamuje proliferację i migrację tych komórek. Analiza szlaków przekazywania sygnału wskazuje, że efekty wywierane przez ten związek wiążą się z hamowaniem fosforylacji szlaku kinaz MAP/ERK1/2.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: W roku 2022 planowane są dalsze prace w ramach tego projektu.

Projekt Nr 2019/35/D/NZ5/00558 (NCN, SONATA 15)

Tytuł: „Ocena udziału czynników transkrypcyjnych SNAIL 1 i SNAIL 2 w rozwoju chemiooporności komórek raka jajnika w kontekście ich inwazyjności”.

Kierownik: dr Michał Kielbik;

Okres realizacji: 01.09.2020 – 31.08.2023

Cel pracy: Pierwszym celem badań prowadzonych w 2021 roku było przygotowanie modelu badawczego komórek linii A2780 poprzez indukcję ich chemiooporności oraz zdolności do migracji. W wyniku wieloetapowej selekcji z wykorzystaniem wzrastających stężeń cisplatyny otrzymano linię A2780 o wysokiej oporności na cisplatynę - A2780_{CTP}. Ponadto, za pomocą odpowiedniej suplementacji podłoża hodowlanego komórek linii A2780 otrzymano linię A2780_{EMT}, w której zaindukowany został proces EMT (Epithelial to Mesenchymal Transition) sprzyjający mezenchymalnemu fenotypowi komórek oraz ich migracji. Kolejnym celem badań prowadzonych na tym etapie projektu była analiza porównawcza komórek linii A2780, A2780_{cis}, SKOV-3, A2780_{CTP} i A2780_{EMT}, pod kątem ich oporności na cisplatynę; ekspresji czynników SNAIL 1 i SNAIL 2 (na poziomie mRNA oraz białka z uwzględnieniem stopnia ich fosforylacji i wewnątrzkomórkowej lokalizacji); zewnątrzkomórkowej ekspresji kadheryny E, kadheryny N oraz wimentyny, jak również oceny zdolności badanych komórek do migracji.

Opis zrealizowanych prac: Ocenę oporności komórek badanych linii wobec cisplatyny przeprowadzono prowadząc hodowle komórek z szerokim zakresem stężeń tego cytostatyku (1 μM - 600 μM) przez 48 godzin. Następnie za pomocą testu MTT wyznaczono aktywność metaboliczną komórek stanowiącą podstawę do wyliczenia wartości EC₅₀ cisplatyny indywidualnie dla każdej linii komórkowej. Poziom ekspresji czynników transkrypcyjnych SNAIL 1 i SNAIL 2 w komórkach linii A2780, A2780_{cis}, SKOV-3, A2780_{CTP} oraz A2780_{EMT} oceniono metodą PCR w czasie rzeczywistym, natomiast poziom i stopień fosforylacji białek SNAIL 1 i SNAIL 2 zmierzono wykorzystując metodę western blot. Poziom ekspresji markerów fenotypu epithelialnego (kadheryna E) oraz mezenchymalnego (kadheryna N, wimentyna) oceniono przy pomocy cytometrii przepływowej.

Uzyskane wyniki wskazują, że poziom mRNA oraz białka czynników transkrypcyjnych SNAIL1 i SNAIL2 jest największy w komórkach linii A2780_{CTP} charakteryzujących się bardzo wysoką opornością na działanie cisplatyny. W komórkach pozostałych chemioopornych linii raka jajnika (A2780_{cis}, SK-OV-3) zaobserwowano wysoki poziom jedynie czynnika transkrypcyjnego SNAIL1, przy czym jest on niemal 2-krotnie mniejszy w porównaniu do komórek A2780_{CTP}. Co ciekawe, w komórkach linii A2780_{EMT}, wykazano porównywalny poziom czynników SNAIL1 i SNAIL2, jednakże był on dwukrotnie niższy w porównaniu do selekcyjonowanych komórek linii A2780_{CTP}. Analiza ekspresji kadheryny E, kadheryny N i wimentyny wskazuje, że komórki chemioopornych linii A2780_{CTP} i SK-OV-3 charakteryzują się największym poziomem kadheryny N, podczas gdy komórki wrażliwej linii A2780 posiadają najwyższą ekspresję kadheryny E. Podobnie, poziom wimentyny okazał się największy w komórkach SK-OV-3, natomiast najniższy w komórkach linii

A2780. Pozostałe badane linie komórkowe posiadają porównywalny poziom tego markera mezenchymalnego. Ocena zdolności komórek linii raka jajnika do migracji wykazała, że największym tempem zarastania rasy charakteryzowały się komórki SK-OV-3 oraz A2780CTP. Nie zaobserwowano natomiast znaczących różnic w szybkości zarastania rasy między komórkami A2780 i A2780cis.

Opis najważniejszych osiągnięć: Badania przeprowadzone w ramach realizacji trwającego projektu pozwoliły na dokonanie niezwykle ciekawych obserwacji. Przeprowadzenie stopniowej selekcji komórek A2780 przy pomocy wzrastających stężeń cisplatyny wykazało, że wraz ze stopniowym wzrostem oporności komórek linii A2780 wzrastała ekspresja czynników transkrypcyjnych SNAIL 1/2. Ponadto, malał poziom kadheryny E, przy jednoczesnym wzroście poziomu kadheryny N i wimentyny, co prowadziło również do wzrostu tempa migracji tych komórek.

Kolejny ciekawy wynik otrzymany w trakcie realizacji projektu 2019/35/D/NZ5/00558 wskazuje, że indukcja chemiooporności w komórkach linii A2780 prowadzi do znacznie większego wzrostu ekspresji czynników transkrypcyjnych SNAIL 1/2 niż inicjacja procesu EMT. Co więcej, poziom czynnika SNAIL 2 i w mniejszym stopniu SNAIL1 zależy od rodzaju chemiooporności, jako że zaobserwowano znaczące różnice w ekspresji tych czynników między komórkami SK-OV-3 (oporność pierwotna) i A2780CTP (oporność nabyta).

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Zebrane wyniki stanowią będą solidną podstawę do stworzenia manuskryptu.

Projekt Nr 2019/35/B/NZ7/00942 (NCN, SONATA OPUS 18)

Tytuł: „Czynniki *Mycobacterium tuberculosis* wpływające na częstość transmisji gruźlicy”.

Projekt realizowany przez konsorcjum: Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc (lider); **Instytut Biologii Medycznej PAN**; Uniwersytet Łódzki

Kierownik: prof. dr hab. Ewa Augustynowicz-Kopeć; **Kierownik zespołu badawczego w IBM PAN dr Alina Ewa Minias**

Okres realizacji: 01.07.2020 – 08.07.2023

Cel pracy: Celem pracy jest określenie znaczenia zmienności genetycznej i fenotypowej klinicznych szczepów *Mycobacterium tuberculosis* w procesie transmisji gruźlicy.

Opis zrealizowanych prac:

- Sekwencjonowanie DNA wysokotransmisyjnych szczepów *M. tuberculosis* z kolekcji Instytutu Gruźlicy i Chorób Płuc.
- Identyfikacja sekwencji genomowych wysoce i niskotransmisyjnych szczepów *M. tuberculosis* z publicznych baz genomowych, statystyczne porównanie częstości pojawiania się mutacji w obu grupach.
- Przegląd literatury naukowej pod kątem charakterystyki szczepów wywołujących lokalne wybuchy epidemiczne gruźlicy.

Opis najważniejszych osiągnięć:

Hipoteza badawcza zakłada, że istnieją istotne różnice genetyczne pomiędzy szczepami wysoce i nisko transmisyjnymi. Zidentyfikowaliśmy 41 par szczepów zaklasyfikowanych odpowiednio jako

wysoco- i niskotransmisyjne w publicznych bazach danych. Analiza statystyczna nie wykazała istotnych różnic na poziomie genetycznym pomiędzy grupami szczepów.

Wykorzystanie uzyskanych wyników:

Na podstawie przeglądu literatury naukowej przygotowano manuskrypt przeglądu systematycznego „*Mycobacterium tuberculosis* strains involved in outbreaks of tuberculosis in years 2011-2020 - a systematic review”.

Projekt Nr 2020/37/N/NZ6/01887 (NCN, PRELUDIUM 19)

Tytuł: „Kolektyna wątrobowa 1 (CL-L1) i kolektyna nerkowa 1 (CL-K1) w podatności wcześniaków na infekcje”.

Kierownik: mgr Gabriela Gajek

Opiekun naukowy: Prof. dr hab. Anna Świerzko

Okres realizacji: 21.01.2021 – 20.01.2024

Cel pracy: U noworodków, zwłaszcza tych urodzonych przedwcześnie, ważną rolę w ochronie przeciwdrobnoustrojowej pełnią endogenne lektyny – cząsteczki rozpoznające wzorce molekularne związane z patogenami (takimi jak bakterie, grzyby, wirusy i pierwotniaki). Wśród nich znajdują się kolektyny i fikoliny o podobnej organizacji budowy i aktywności biologicznej. Mogą one agregować i opsonizować mikroorganizmy, przyczyniając się do ich wzmożonej fagocytozy lub aktywacji komórek zapalnych. Ponadto kolektyny (z wyjątkiem SP-A i SP-D) i fikoliny, dzięki współpracy z proteazami serynowymi MASP, po rozpoznaniu struktur docelowych drobnoustrojów, mogą inicjować aktywację układu dopełniacza prowadzącą do bezpośredniej opsonizacji i fagocytozy bakterii. Oprócz najdokładniej przebadanej lektyny wiążącej mannozę (MBL), rodzina kolektyn aktywujących dopełniacz obejmuje również CL-L1 (kolektyna-wątrobowa 1, kolektyna-10, CL-10), CL-K1 (kolektyna-nerkowa 1, kolektyna-11, CL-11) i CL-P1 (kolektyna-łożyskowa 1, kolektyna-12, CL-12). Celem pracy jest określenie roli CL-L1 i CL-K1 jako czynników odporności wrodzonej noworodków urodzonych przedwcześnie oraz oszacowanie potencjalnej przydatności tych kolektyn jako biomarkerów infekcji.

Opis zrealizowanych prac: Dotychczas dokonano oznaczeń stężeń CL-L1 i CL-K1 w surowicy krwi pępowinowej wcześniaków (w tym noworodków z zakażeniami okołoporodowymi) oraz w surowicy krwi pępowinowej zdrowych noworodków donoszonych. Poziomy CL-L1 i CL-K1 w surowicy krwi pępowinowej zostały oszacowane przy pomocy metody TRIFMA. Przeprowadzono także analizę wybranych polimorfizmów genów *COLEC10* i *COLEC11* u noworodków urodzonych przedwcześnie (w tym z infekcjami okołoporodowymi) oraz u noworodków zdrowych przy pomocy sond TaqMan. Dodatkowo określono poziom ekspresji genów *COLEC10* i *COLEC11* w łożyskach trzeciego trymestru ciąży (zarówno w części matczynej, jak i płodowej). Ekspresja została określona za pomocą real-time PCR.

Opis najważniejszych osiągnięć: Stężenia CL-L1 i CL-K1 w surowicy krwi pępowinowej noworodków urodzonych przedwcześnie i o czasie były istotnie wyższe (odpowiednio $p=0,0003$, Anova i $p<0,0001$, Anova) niż u dzieci w wieku 2-18 lat i dorosłych. Ponadto u noworodków urodzonych przedwcześnie z zakażeniem okołoporodowym poziom CL-L1 był wyższy, a CL-K1 niższy niż u zdrowych noworodków. Stężenia CL-L1 i CL-K1 w surowicy krwi pępowinowej

korelowały ze sobą istotnie statystycznie. Poziomy obu białek korelowały również ze stężeniem lektyny wiążącej mannozę (MBL). Co ciekawe, niektóre dzieci miały jednocześnie niski poziom MBL ale normalny poziom kolektyny-10 i kolektyny-11. Może to sugerować, że kolektyny CL-K1 i CL-L1 kompensują niedobór MBL. Dotychczasowe analizy nie wykazały związku pomiędzy stężeniem kolektyn a przedwczesnym odpłynięciem wód płodowych, wystąpieniem zespołu zaburzeń oddychania u noworodka czy cukrzycą. Dotychczasowe wyniki analizy nie wykazały istotnych statystycznie różnic w ekspresji genów *COLEC10* i *COLEC11* w części matczynej oraz płodowej łożyska. Nie odnotowano również zależności pomiędzy badanymi polimorfizmami i stężeniem CL-L1 i CL-K1 w surowicy krwi pępowinowej.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Ocena biologicznego znaczenia CL-K1 i CL-L1 u noworodków znacząco poszerzy wiedzę na temat podatności noworodków na infekcje i pozwoli oszacować potencjalną przydatność tych kolektyn jako biomarkerów infekcji. Uzyskane wyniki mogą pomóc w przyszłym opracowaniu nowych strategii leczenia zakażeń. Otrzymane wyniki zostaną zaprezentowane na konferencjach, zarówno krajowych jak i międzynarodowych. Dodatkowo, wyniki te zostaną opublikowane w czasopismach z listy filadelfijskiej.

Projekt Nr 2020/37/B/NZ7/04199 (NCN, OPUS 19

Tytuł: „Nowe mechanizmy immunomodulacji przez opóźniacze palenia”.

Kierownik: dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN

Okres realizacji: 01.04.2021 - 31.03. 2024

Cel pracy: Celem realizacji projektu jest zgromadzenie danych dotyczących cząsteczek w komórkach ludzkiego układu odpornościowego, które mogą być modyfikowane/uszkodzone przez opóźniacze palenia (aby dać naukowe podstawy do wyznaczania limitów narażenia, np. odnośnie stężeń w obiektach gospodarstwa domowego), oraz weryfikacja nowej teorii, że wiele z tych efektów wynika z łatwej rozpuszczalności opóźniaczy palenia w lipidach (a nie w wodzie), przez co mogą one przeszkadzać w funkcjach błon komórkowych zbudowanych z lipidów.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 realizowano prace przygotowawcze (dotyczące modeli i metodyki badań) oraz doświadczenia pilotowe w ramach zadań badawczych „Identyfikacja szlaków sygnałowych modulowanych przez opóźniacze palenia w modelach komórek układu odpornościowego”, „Efekty błonowe w komórkowym oddziaływaniu opóźniaczy palenia na cząsteczki sygnałowe” i „Wpływ opóźniaczy palenia na funkcje komórkowe istotne dla odporności wrodzonej”.

Opis najważniejszych osiągnięć: W roku 2021 badania w ramach projektu nie było wystarczająco zaawansowane, by uzyskać jakiegokolwiek osiągnięcia.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: W roku 2021 uzyskane wyniki wykorzystywane były wyłącznie do zaplanowania dalszych badań w ramach projektu.

Projekt Nr 2020/37/B/NZ5/01029 (NCN, OPUS 19)

Tytuł: „Epigenetyczna immunomodulacja zależna od elementów mikrobiomu. Model pośrednich i bezpośrednich oddziaływań komórek Th17 i Treg ze *Staphylococcus aureus* w przebiegu łuszczycy”.

Kierownik: dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN

Okres realizacji: 26.01.2021 – 25.01.2024

Cel pracy: Określenie, w jaki sposób oddziaływanie z mikrobiomem zmienia epigenetycznie i genetycznie wybrane komórki układu immunologicznego.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 rozpoczęto realizację projektu 2020/37/B/NZ5/01029. Przeprowadzono skrining białek gronkowca złocistego celem identyfikacji tych, które wpływają na ekspresję cytokin charakterystycznych dla limfocytów Th17.

Opis najważniejszych osiągnięć: Udało się zidentyfikować takie białka gronkowca złocistego, które wpływają na ekspresję IL21 i IL22 w komórkach pierwotnych limfocytów Th17.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: W roku 2022 planowane są dalsze prace w ramach tego projektu.

Projekt Nr 2020/37/B/NZ6/04037 (NCN, OPUS 18)

Tytuł: „Przebieg choroby COVID-19 w aspekcie odpowiedzi odpornościowej oraz zmienności genetycznej gospodarza i SARS-CoV-2”.

Projekt realizowany w ramach konsorcjum: Instytut Biologii Medycznej PAN (lider), Uniwersytet Łódzki, Uniwersytet Medyczny w Łodzi

Kierownik: dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN

Okres realizacji: 01.02.2021 - 31.01.2024

Cel pracy: Określenie czynników wirusowych i gospodarza związanych z łagodnym lub ciężkim rokowaniem COVID-19. Cele szczegółowe projektu obejmują scharakteryzowanie genomów SARS-CoV-2 wywołujących zakażenia u polskich pacjentów, identyfikację głównych polimorfizmów wybranych genów gospodarza odpowiedzialnych za ciężki przebieg zakażenia SARSCoV-2, ocenę odpowiedzi immunologicznej gospodarza podczas choroby COVID-19 oraz zaprojektowanie testu do oceny ilościowej genomowego RNA SARS-CoV-2. Badania mają na celu weryfikację hipotezy, że zmienność genetyczna SARS-CoV-2 może wpływać na wirulencję i patogenezę wirusa, podczas gdy polimorfizm zlokalizowany w genach gospodarza może warunkować uwalnianie cytokin i przebieg kliniczny COVID-19. Poszukiwane są czynniki ryzyka rozwoju ciężkiego przebiegu COVID-19 oraz możliwość ich zastosowania jako biomarkerów prognostycznych. Projekt realizowany przez konsorcjum: Instytut Biologii Medycznej PAN, Uniwersytet Łódzki i Uniwersytet Medyczny w Łodzi.

Opis zrealizowanych prac: Zgromadzono i zabezpieczono materiały kliniczne z przypadków zakażeń SARS-CoV-2 z ciężkim i łagodnym przebiegiem COVID-19. Przeprowadzono izolację kwasów nukleinowych i zabezpieczono izolaty do dalszych badań. Przygotowano materiały do określenia stężenia cytokin i chemokin u chorych przy zastosowaniu technologii Single Molecule Counting (SMC™). Określono status serologiczny zgromadzonych przypadków zakażeń SARS-CoV-2. Przeprowadzono badania identyfikujące obecność innych współzakażeń, w tym wirusami

CMV, EBV, HPV16, HPV18, HMPV, HRSV, RV, HPIV1-4, grypy A i B, koronawirusami OC43 i 229E.

Opis najważniejszych osiągnięć: w badanych wymazach z nosogardzieli od osób zakażonych SARS-CoV-2 wykryto najczęściej współzakażenia innymi koronawirusami HCoV-OC43 (42% przypadków) i HCoV-229E (24%) oraz wirusami paragrypy HPIV2 (28%) i HPIV3 (18%).

Wykorzystanie uzyskanych wyników: wyniki posłużą w przyszłości do przygotowania publikacji i zgłoszeń konferencyjnych.

Projekt Nr 2020/39/B/NZ6/01660 (NCN, OPUS 20)

Tytuł: „Wpływ glikozytacji białka Spike wirusa SARS-CoV-2 na aktywację układu dopełniacza”.

Projekt realizowany jest przez konsorcjum: Instytut **Biologii Medycznej PAN (lider)**, Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda PAN oraz Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego.

Kierownik: prof. dr hab. Maciej Cedzyński

Okres realizacji: 24.06.2021 – 23.06.2024

Cel pracy: Do głównych celów projektu należą: określenie, które z czynników aktywacji dopełniacza na drodze lektynowej (i/lub podobna do nich strukturalnie kolektyna surfaktantu płucnego D nieaktywująca dopełniacza) rozpoznają glikoproteinę S wirusa (S-gp) SARS-CoV-2; poznanie molekularnych mechanizmów interakcji wymienionych czynników z S-gp; ocena wpływu czynników drogi lektynowej na rozpoznanie S-gp przez swoiste przeciwciała (i *vice versa*); zbadanie, czy czynniki aktywacji dopełniacza na drodze lektynowej uczestniczą w patogenezie wieloukładowego zespołu zapalnego u dzieci, związanego z SARS-CoV-2.

Opis zrealizowanych prac: W roku 2021 rozpoczęto badania z wykorzystaniem komercyjnie dostępnych antygenów SARS-CoV-2 oraz surowicy normalnej i surowic pozbawionych wybranych składników dopełniacza (IBM PAN). Rozpoczęto otrzymywanie rekombinowanych antygenów wirusowych o różnych wzorach glikozytacji (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN) oraz rekrutację pacjentów [dzieci z rozpoznaniem wieloukładowego zespołu zapalnego u dzieci związanego z SARS-CoV-2 (paediatric inflammatory multisystem syndrome temporarily associated with SARS-CoV-2, PIMS-TS)] (Warszawski Uniwersytet Medyczny).

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Planuje się publikację wyników w czasopiśmie o zasięgu międzynarodowym oraz ich prezentację na konferencjach.

Projekt Nr 2020/39/B/NZ7/01995 (NCN, OPUS 20)

Tytuł: „By stary lek znów skutecznym był - koniugaty izoniazydu/rifamycyny i klasterów boru - synteza i aktywność przeciwgruźlicza”.

Kierownik: dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN

Okres realizacji: 12.07.2021 – 11.07. 2025

Cel pracy: Modyfikacja znanych leków przeciwgruźliczych, izoniazydu i rifamycyny, klasterami boru. Określenie ich właściwości fizykochemicznych mających wpływ na ich aktywność biologiczną. W szeroko zakrojonych badaniach biologicznych, *in vitro*, zostanie zbadane czy

otrzymane związki będą hamowały wzrost szczepu *Mycobacterium tuberculosis* jak również mutantów opornych na izoniazyd i rifampicynę. Pogłębione badania biologiczne mają dać odpowiedź czy wybrane koniugaty będą hamowały aktywność wybranych białek i enzymów niezbędnych dla *Mtb*.

Opis zrealizowanych prac: w wyniku czteromiesięcznej realizacji projektu powtórzono syntezę *N*-[(1,12-dikarba-*closo*-dodekaboran-1-yl)etylo]izonikotyno hydrazylu, związku, który w ramach wcześniej przeprowadzonych analiz biologicznych wykazał aktywność 60-krotnie wyższą niż izoniazyd wobec szczepu *Mtb* $\Delta katG$. Opracowano wstępnie metody syntezy i oczyszczania trzech nowych pochodnych izoniazylu, w tym dwóch pochodnych modyfikowanych grupą metalokarboranylową zawierającą w swojej strukturze jon kobaltu lub chromu.

Opis najważniejszych osiągnięć: w związku z rozpoczęciem realizacji projektu w drugiej połowie 2021 roku punkt ten nie omawia najważniejszych osiągnięć.

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Dotychczasowe wyniki powstałe w wyniku realizacji projektu będą podstawą dwóch abstraktów związanych z konferencją międzynarodową w obszarze chemii boru – Euroboron 9, 2022, 3-7 July, Barcelona.

Projekt Nr 2021/05/X/NZ3/01620 (NCN, MINIATURA 5)

Tytuł: "Optymalizacja procedury otrzymywania mikropęcherzyków *Mycobacterium*".

Kierownik: dr Agnieszka Szala-Poździej

Okres realizacji: 15.12.2021- 14.12.2022

Cel pracy: Celem projektu (o charakterze badań wstępnych/pilotażowych) jest optymalizacja metody otrzymywania mikropęcherzyków wydzielanych przez komórki *Mycobacterium*.

Opis zrealizowanych prac: Przeprowadzono wstępne doświadczenia (realizacja projektu rozpoczęła się 15 grudnia 2021).

Wykorzystanie uzyskanych wyników: Uzyskane dane będą wykorzystane, jako wyniki wstępne służące opracowaniu kolejnego projektu badawczego.

Projekty finansowane przez inne organizacje krajowe (w tym: MNiSW, NAWA);

Projekt finansowany lub dofinansowany przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Decyzja nr DIR/WK/2018/06 z dnia 24.10.2018 r.

**Tytuł projektu: European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology
European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC)**

Kierownik projektu: Koordynator części projektu realizowanej w Polsce w ramach konsorcjum POL-OPENSREEN (Polska Platforma Infrastruktury Skringowej dla Chemii Biologicznej) **prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski**

Jednostki realizujące: **Instytut Biologii Medycznej PAN (lider)**, Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
Okres realizacji: 01.06.2018 – 31.05.2023

Udział w międzynarodowym przedsięwzięciu pn.: European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology European Research Infrastructure Consortium (EU-OPENSREEN ERIC). Koordynator części projektu realizowanej w Polsce w ramach konsorcjum POL-OPENSREEN (Polska Platforma Infrastruktury Skringowej dla Chemii Biologicznej) prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski, Data rozpoczęcia realizacji 01.06.2018, data zakończenia 31.05.2023. Środki finansowe ogółem 39 273 625 zł, w tym IBM PAN 14 696 000 zł. Jednostki realizujące: Instytut Biologii Medycznej (IBM) PAN (lider), Instytut Chemii Bioorganicznej (ICHB) PAN, Instytut Biochemii i Biofizyki (IBB) PAN.

- Głównymi celami przedsięwzięcia jest utworzenie Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych (KBZCh) oraz konsolidacja polskiego potencjału w zakresie badań przesiewowych i poszukiwań nowych związków aktywnych biologicznie. W roku sprawozdawczym finalizowano zakupy aparatury i budowanie zaplanowanej infrastruktury w trzech instytucjach partnerskich.

KBZCh zapewnia możliwość deponowania związków chemicznych syntetyzowanych w ośrodkach akademickich (IBM). W pierwszej fazie planowane jest stworzenie kolekcji ok. 10 000 związków i udostępnianie jej do testów biologicznych (2021). Wyniki badań zgromadzone w bazie danych będą dostępne dla wszystkich zainteresowanych instytucji naukowych i przemysłu na uzgodnionych zasadach zapewniających własność intelektualną zainteresowanych stron. W roku sprawozdawczym sfinalizowany dostarczenie całej zaplanowanej do zakupu aparatury zarówno dla KBZCh jak i Laboratorium Skringowego Bakteriologia-Wirusologia uruchomiono w pełni Laboratorium Skringowe oraz zrealizowano w znacznej części uruchamianie infrastruktury KBZCh. Pewne opóźnienia związane są z trudnościami w uruchamianiu infrastruktury informatycznej. Podpisano pięć umów przekazywania związków (IBB PAN, ICHB PAN, IKFP PAN, Uniwersytet Łódzki, Uniwersytet Medyczny w Łodzi).

- System AGAMEDE w Centrum Badań Przesiewowych ICHB umożliwia zautomatyzowane badania skringowe setek tysięcy związków chemicznych. Do pomiarów aktywności biologicznej na poziomie pojedynczej komórki wykorzystywane są zaawansowane technologie w powiązaniu ze sztuczną inteligencją ułatwiającą analizę wyników. Wkrótce zostanie też stworzona dodatkowa pracownia walidacyjna, której zadaniem będzie badanie mechanizmu działania związków chemicznych, niezbędnego etapu komercjalizacji bioaktywnych związków.

W okresie sprawozdawczym opracowano formalne zasady funkcjonowania Centrum, w tym zasady dostępu do infrastruktury i uwzględniania działań wymagających wykorzystania infrastruktury w projektach grantowych różnych instytucji finansujących (w tym w projektach NCN i projektach europejskich).

Współpracowano w zakresie opracowania i dostosowywania procedur pomiarowych (także zgodnie z kryteriami EU-OS) w celu podnoszenia ich wiarygodności (jakości) i rozszerzania możliwości infrastruktury, co ma na celu zwiększenie atrakcyjności i praktycznej

funkcjonalności dla potencjalnych użytkowników oraz dostosowanie jej do najlepszych standardów międzynarodowych. W okresie od stycznia do kwietnia 2021 r. opracowane procedury obejmują:

- (i) Protokoły automatyzacji
- (ii) Wdrożenie standardowego protokołu analizy danych obrazowych z eksperymentu obrazowania wielokolorowego typu cell-painting

Opracowano i wdrożono test na identyfikację substancji inhibujących lucyferazę NanoLuc (w celu poszukiwania potencjalnych fałszywych negatywów w przyszłych testach wykorzystujących tę lucyferazę)

Promowanie oraz zachęcanie do wykorzystania zasobów Centrum i technologii tworzonych w ramach tego projektu w programach badawczych użytkowników wewnętrznych i zewnętrznych oraz wsparcie w procesie przygotowania wniosków grantowych zawierających plany wykorzystania infrastruktury Centrum bezpośrednio i poprzez konsorcjum EU-OS.

Rozpoczęto przygotowania do opracowania strategii pozyskiwania środków europejskich, w celu finansowania prac wykorzystujących tworzoną infrastrukturę

- IBB PAN jest ekspertem w dziedzinie chemoinformatyki, modelowania i wirtualnych badań przesiewowych wspierających zarówno projektowanie jak i walidację bioaktywnych cząsteczek.

W okresie sprawozdawczym rozpoczęto/kontynuowano prace koncepcyjno-organizacyjne nad przygotowaniem infrastruktury oraz oprogramowania serwisu bioinformatycznego obsługującego użytkowników EU-OPENSSCREEN. Serwis zostanie przygotowany przy użyciu platformy programistycznej Django (<https://www.djangoproject.com/>) do tworzenia aplikacji webowych w języku Python. Zakupiono frontend „Material Style - Material Design For All by AGMStudio - <https://wrapbootstrap.com/theme/material-style-material-design-for-all-WB0F66100>”. Obecnie trwają prace nad zapewnieniem bezpieczeństwa komunikacji pomiędzy serwerem a klastrzem obliczeniowym. Prowadzone są również prace nad rozbudową istniejących zasobów o systemy obliczeniowe do przetwarzania baz danych i składowania/prezentacji wyników w ramach projektu POL-OPENSSCREEN poprzez instalację szybkiej macierzy dyskowej, infrastruktury komunikacyjnej i dodatkowych nowoczesnych serwerów obliczeniowych bazujących na procesorach wielordzeniowych (>48) (CPU) i obliczeniach masowo równoległych na akceleratorach graficznych i obliczeniowych (GPGPU). W ramach zamówienia zakupionych zostanie 6 serwerów obliczeniowych (CPU), 6 serwerów obliczeniowych GPGPU z kartami graficznymi i 1 specjalistyczny serwer obliczeniowy GPGPU z akceleratorami obliczeniowymi dedykowany do tworzenia modeli AI i procesowania danych o dużym zapotrzebowaniu pamięciowym. Planowana infrastruktura powinna rozszerzyć nasze możliwości obliczeniowe o: • ~1200 wątków CPU (600 rdzeni) • ~220000 rdzenia graficzne CUDA • ~8000 rdzeni do obliczeń tensorowych >52 TFlopy mocy obliczeniowej CPU (FP32).

Projekt Wymiany Bilateralnej Naukowców
Nr PPN/BIL/2018/1/00206/U/00004 (POLONIUM)

Projekt finansowany przez: Narodową Agencję Wymiany Akademickiej (NAWA)

pt.: Badanie funkcjonalnych kompleksów białkowych u mykobakterii w celu odkrycia nowych leków przeciwgruźliczych.

Kierownik projektu **prof. dr hab. Jarosław Dziadek**

Koordynator po stronie Instytutu Biologii Medycznej: **dr Przemysław Adam Płociński**

Okres realizacji: 01.01.2019 - 31.12.2021

Projekt „Badanie funkcjonalnych kompleksów białkowych u mykobakterii w celu odkrycia nowych leków przeciwgruźliczych” dotyczył systematycznej analizy kompleksów metabolicznych zaangażowanych w przemiany kwasów mykolinowych, w poszukiwaniu nowatorskich leków przeciwgruźliczych. W kontekście wzrastającej lekooporności wśród patogenów bakteryjnych, zjawiska będącego zagrożeniem dla światowego systemu opieki zdrowotnej, problem lekooporności prątków gruźlicy znajduje się na liście priorytetów Światowej Organizacji Zdrowia. W 2020 w wyniku zachorowania na gruźlicę zmarło około 1,1 mln ludzi na świecie a pandemia gruźlicy trwa nieprzerwanie od wielu dekad. Ryzyko rozprzestrzeniania się wśród populacji ludzi wielolekoopornej gruźlicy zwraca uwagę na konieczność prowadzenia badań naukowych zmierzających do wynalezienia leków przeciwprątkowych nowej generacji. Badania prowadzone w ramach współpracy między Instytutem Biologii Medycznej PAN w Łodzi oraz Instytutem Farmakologii i Biologii Strukturalnej w Tuluzie, we Francji przyczyniły się do identyfikacji nieznanymi dotąd ścieżek metabolizmu kwasów mykolinowych prątków gruźlicy. Wyniki prowadzonych badań mogą w przyszłości doprowadzić do odkrycia innowacyjnych leków przeciwgruźliczych. Podczas trwania projektu odbyło się kilka spotkań pomiędzy naukowcami zarówno w Polsce jak i we Francji. Omówione zostały założenia projektu, zaplanowano prace eksperymentalne, które następnie zrealizowano i podsumowano wyniki. W czasie wizyt naukowców w ośrodkach badawczych odbył się cykl wykładów dotyczących projektu zarówno w IBM PAN w Łodzi oraz IPBS w Tuluzie.

W dniach od 24 do 29 czerwca 2019 roku, Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi odwiedziła Pani Dr hab. Hedia Marrakchi, wraz z doktorantem Nicolas Tomas, w ramach delegacji z IPBS, Uniwersytetu w Tuluzie, z Francji. Dr hab. Marrakchi wraz z Panem Nicolas Tomas prowadzili rozmowy/konsultacje naukowe z pracownikami IBM PAN dotyczące planu współpracy między obiema jednostkami naukowymi objętymi działaniem finansowanym przez NAWA oraz wzięli udział w 8 Międzynarodowej Konferencji Weigla, 26-28.06.2019, w Łodzi, współorganizowanej przez IBM PAN. W ramach rewizyty Prof. dr hab. Jarosław Dziadek i Dr. Przemysław Płociński odwiedzili Instytut Farmakologii i Biologii Strukturalnej w Tuluzie, we Francji w dniach od 1 do 4 grudnia 2019 roku. Pracownicy PAN uczestniczyli w konsultacjach naukowych i wzięli udział w obchodach Polsko-Francuskiego Roku Nauki.

Między 24 lutego a 6 marca 2020 doktorant Dimitri Leonelli z IFiBS z Tuluzy przebywał w IBM PAN w Łodzi na stażu praktycznym, gdzie zaznajomił się z technikami badań oddziaływań między

białkami, składu kompleksów białkowych izolowanych metodami chromatografii powinowactwa, izolacji RNA, przygotowywania cDNA oraz oceny ekspresji genów techniką PCR w czasie rzeczywistym.

Ze względu na sytuację pandemiczną dopiero w drugiej połowie 2021 roku delegacja polska udała się na wymianę akademicką do IPBS w Tuluzie. W dniach od 6 do 13 października 2021 r. doktoranci Ewelina Lechowicz oraz Filip Gąsior przebywali w IPBS na stażu praktycznym. Podczas wizyty w Tuluzie doktoranci zapoznali się m.in. z technikami analiz lipidomicznych składu ściany komórkowej prątków gruźlicy. IPBS jest wiodącą grupą na świecie zajmującą się tego typu analizami.

Partner polski w trakcie trwania projektu wykonał analizy transkryptomyczne prątków gruźlicy, które pozwoliły na wstępne rozpoznanie szlaku metabolicznego odpowiedzialnego za katabolizm kwasów mykolinowych. Zespół IBM PAN wykonał również szereg eksperymentów koimmunoprecypitacji dla poszukiwania białek partnerskich dla enzymów o domniemanej roli w metabolizmie kwasów mykolinowych. Badania te będą dalej kontynuowane i planowane jest przygotowanie wspólnego manuskryptu naukowego opisującego wyniki wspólnie prowadzonych badań. Oprócz spotkań stacjonarnych, ograniczonych ze względu na pandemię Covid-19, przez ostatnie dwa lata odbyło się wiele interakcji on-line m. in. wideokonferencji, w celu omówienia wyników prowadzonych badań, opracowania strategii aplikowania o wspólne fundusze w postaci grantów naukowych.

Najważniejszym rezultatem projektu jest nawiązanie długofalowej współpracy między instytucjami naukowymi w Polsce (IBM PAN w Łodzi) i Francji (IPBS w Tuluzie).

Prowadzone w trakcie trwania projektu badania stanowią podwaliny dla przyszłych wspólnych prac mających na celu stworzenie konsorcjum naukowego skupiającego swe badania na poszukiwaniu nowych celów molekularnych dla wynalezienia leków przeciwgruźliczych. Otrzymanie finansowania w ramach projektu POLONIUM pozwoliło na uściślenie współpracy między grupami polską i francuską, rozpoznanie silnych stron i ewentualnych braków technologicznych między zespołami. Partner polski miał możliwość zapoznania się z organizacją, wyposażeniem i działaniem wysokoprzepustowego laboratorium przesiewowego prowadzonego przez Instytut Farmakologii i Biologii Strukturalnej w Tuluzie. Pomogło to w implementacji projektu POL-OPENSSCREEN, realizowanego w Instytucie Biologii Medycznej PAN w Łodzi, gdzie jednym z zadań było stworzenie podobnego laboratorium przesiewowego jako platformy dla poszukiwania nowych chemioterapeutyków, w tym również potencjalnych związków przeciwprątkowych.

Projekty finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne:

Program Ramowy Unii Europejskiej

Nazwa programu: Horyzont 2020 (ERC, działanie Research & Innovation Action, Innovation Action, działania Marie Skłodowskiej-Curie)

Numer projektu / Tytuł projektu NUMBER 823893 — EU-OPENSREEN-DRIVE

Ensuring long-term sustainability of excellence in chemical biology within Europe and beyond.
/ Zapewnienie długofalowego zrównoważonego rozwoju w zakresie biologii chemicznej w Europie i poza nią.

Kierownik projektu: dr Wolfgang Fecke

ze strony IBM PAN – **prof. dr hab. Z.J. Leśnikowski**

Okres realizacji: 01.02.2019 – 31.01.2023

Instytucje/Jednostki realizujące: Academisch Ziekenhuis Leiden - Leids Universitair Medisch Centrum (LUMC); Agencia Estatal Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC); CSC-TIETEEN TIETOTEKNIKAN KESKUS OY; Danmarks Tekniske Universitet; ECOLE POLYTECHNIQUE FEDERALE DE LAUSANNE; European Molecular Biology Laboratory; FORSCHUNGSVERBUND BERLIN EV FRAUNHOFER GESELLSCHAFT ZUR FOERDERUNG DER ANGEWANDTEN FORSCHUNG E.V.; Fundacion Centro De Excelencia En Investigacion De Medicamentos Innovadores En Andalucia (MEDI); Fundació Institut Mar d'Investigacions Mèdiques (IMIM);p Fundación de la Comunidad Valenciana Centro de Investigación Príncipe Felipe; Helmholtz-zentrum Fuer Infektionsforschung GMBH; Helsingin Yliopisto; Hochschule Mannheim; Instituto de Biología Molecular e Celular – IBMC; INSTITUTUL DE CHIMIE TIMISOARA AL ACADEMIEI ROMANE; Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; **Instytut Biologii Medycznej PAN**; Instytut Chemii Bioorganicznej PAN; Karolinska Institut; Latvijas Organiskās Sintēzes Institūts (OSI); MAGYAR TUDOMANYOS AKADEMIA TERMESZETTUDOMANYI KUTATOKOZPONT Masarykova Univerzita [Masaryk University]; National Center for Scientific Research "Demokritos"; SINTEF AS TECHNISCHE UNIVERSITAET MUENCHEN; Universidad de Santiago de Compostela; Universitetet I Bergen; Universitetet i Oslo; UNIVERSITETET I TROMSOE (UiT); Univerzita Palackého v Olomouci.

Projekt EU-OPENSREEN-DRIVE to przedsięwzięcie w zakresie infrastruktury badawczej mające na celu zapewnienie jak najlepszego jej wykorzystania obecnie i w przyszłości. Przyznane na rzecz realizacji całego projektu środki to kwota blisko 5 mln. euro. Czas realizacji 4 lata poczynając od 1 lutego 2019 roku. IBM PAN jest jednym z kilkudziesięciu partnerów projektu uczestnicząc w nim kwotą 60 625,00 Euro. IBM PAN w ramach tego projektu realizuje cele związane z integracją tworzonej w ramach projektu POL-OPENSREEN (Polska Platforma Infrastruktury Skryningowej dla Chemii Biologicznej, patrz wyżej) Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych oraz centralnej Biblioteki Związków EU-OPENSREEN ERIC.

Projekt EU-OPENSREEN-DRIVE to przedsięwzięcie w zakresie infrastruktury badawczej mające na celu zapewnienie jak najlepszego jej wykorzystania obecnie i w przyszłości. Przyznane na rzecz realizacji całego projektu środki to kwota blisko 5 mln. euro. Czas realizacji 4 lata poczynając od 1 lutego 2019 roku. IBM PAN jest jednym z kilkudziesięciu partnerów projektu uczestnicząc w nim kwotą 60 625,00 Euro. IBM PAN w ramach tego projektu realizuje cele związane z integracją tworzonej w ramach projektu POL-OPENSREEN (Polska Platforma Infrastruktury Skryningowej dla Chemii Biologicznej, patrz wyżej) Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych oraz centralnej Biblioteki Związków EU-OPENSREEN ERIC.

Wybrane wyniki prac badawczych uzyskane w 2021 roku w ramach projektów/ zadań badawczych

Wybrane 2 ważniejsze wyniki uzyskane w ramach projektów/ prac badawczych

- W publikacji: *J Exp Clin Cancer Res* IF= 11,161; MEiN=140 pkt; *Neuromedin U induces an invasive phenotype in CRC cells expressing the NMUR2 receptor*. **Przygodzka P, Sochacka E, Soboska K, Pacholczyk M, Papiewska-Pajak I, Przygodzki T, Płociński P, Ballet S, De Prins A, Boncela J.** 2021 Sep 7;40(1):283. doi: 10.1186/s13046-021-02073-8 potwierdzono, że NUM i jej receptory mogą być potencjalnymi biomarkerami progresji RJG. NMU stymuluje migracje i inwazyjność komórek RJG. Potwierdzenie ekspresji receptora dla neuromedyny typu 2 w komórkach RJG (Neuromedyna U jako nowy potencjalny regulator przerzutowania w raku jelita grubego i odbytnicy. (NCN - Sonata Bis).
- W zespole prof. Z.J. Leśnikowskiego zsyntetyzowano szereg nowych koniugatów adenozyiny i klasterów boru i zidentyfikowano pochodne o potencjalnym znaczeniu terapeutycznym, wysoce selektywne ligandy receptora adenozyiny A3. Wykazano również, że koniugaty adenozyiny i metalokarboranu zawierającego żelazo mają właściwości przeciwrakowe mogą powodować uwrażliwianie komórek raka jajnika na środki chemioterapeutyczne w terapii skojarzonej i że obecność nukleozydów w strukturze koniugatów jest niezbędna do ochrony komórek przed rozwojem oporności wyniki badań opublikowano w pracach:
 - *Eur J Med Chem* IF=6,514; MEiN=140 pkt *Synthesis and evaluation of adenosine derivatives as A1, A2A, A2B and A3 adenosine receptor ligands containing boron clusters as phenyl isosteres and selective A3 agonists*. **Bednarska-Szczepaniak K, Mieczkowski A, Kierozalska A, Pavlović Saftić D, Głabala K, Przygodzki T, Stańczyk L, Karolczak K, Watała C, Rao H, Gao ZG, Jacobson KA, Leśnikowski ZJ.** 2021 Nov 5;223:113607. doi: 10.1016/j.ejmech.2021.113607. Epub 2021 Jun 11.
 - *Cancers (Basel)* IF=6,639; MEiN=140 pkt *Interaction of Adenosine, Modified Using Carborane Clusters, with Ovarian Cancer Cells: A New Anticancer Approach against Chemoresistance*. **Bednarska-Szczepaniak K, Przelazły E, Kania KD, Szwed M, Litecká M, Grüner B, Leśnikowski ZJ.** 2021 Jul 30;13(15):3855. doi: 10.3390/cancers13153855)

Najważniejsze w roku sprawozdawczym osiągnięcie działalności naukowej jednostki o znaczeniu ogólnospołecznym lub gospodarczym

- Wykazanie, że polimorfizm 2848C/T w genie kodującym receptor Toll-podobny typu 9 (TLR9) wpływa na występowanie zakażeń aktywnych CMV u osób HIV-pozytywnych opublikowane w pracy: **Jabłońska A, Jabłonowska E, Studzińska M, Kamerys J, Paradowska E.** *The TLR9 2848C/T Polymorphism Is Associated with the CMV DNAemia among HIV/CMV Co-Infected Patients.* *Cells* 2021, 10(9):2360.

Wybrane 2 ważniejsze zastosowania wyników badań naukowych lub prac rozwojowych o znaczeniu społecznym (np. w zakresie ochrony zdrowia, ochrony środowiska i dziedzictwa przyrodniczego, ochrony zabytków i dziedzictwa kulturowego, inne) i gospodarczym (m.in. nowe technologie, wdrożenia, licencje); działania zwiększające innowacyjność.

- W ramach współpracy wewnątrz IBM PAN jak też z firmą Proteon Pharmaceuticals S.A. opracowano szybki test służący do wykrywania materiału genetycznego wirusa SARS CoV-2 w płwocinie. Wyniki badań walidowano w laboratorium diagnostycznym przy IBM PAN. Manuskrypt publikacji naukowej: *Różański M. et al., „RT-qPCR-based tests for SARS-CoV-2 detection in pooled saliva samples for massive population screening to monitor epidemics”* złożono do druku 21.05.2021 r., zaakceptowano 29.04.2022 r.
- Określenie czynników ryzyka występowania tętniaka aorty brzusznej o podłożu wirusologicznym i immunologicznym potwierdzono w pracach:
 - *Jabłońska A, Zagraban B, Paradowska E, Neumayer C, Eilenberg W, Brostjan C, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. Abdominal aortic aneurysm and virus infection: A potential causative role for cytomegalovirus infection? J Med Virol. 2021, 93(8):5017-5024.*
 - *Jabłońska A, Zagraban B, Neumayer C, Eilenberg W, Scheuba A, Brostjan C, Demyanets S, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. Polymorphisms in the IL-6 and TNF- α gene are associated with an increased risk of abdominal aortic aneurysm. Int J Cardiol. 2021, 329:192-197.*

Informacja o umowach zawartych z innymi podmiotami o stałe lub wieloletnie świadczenie na ich rzecz badań naukowych i prac rozwojowych lub usług

- W dniu 28 października 2021 r. IBM PAN oraz Uniwersytet Medyczny w Łodzi podpisały porozumienie o współpracy tj. „Umowę Przekazania Związków”, która reguluje zasady przekazywania związków do Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych (KBZCh), kierowanej przez prof. dr hab. Zbigniewa Leśnikowskiego. Umowa ta pozwoli na udostępnianie przez zainteresowane jednostki UMed w Łodzi związków chemicznych o potencjalnej aktywności biologicznej do badań przesiewowych za pośrednictwem KBZCh.

Współpraca naukowa
Instytutu Biologii Medycznej PAN
z zagranicą

Współpraca z zagranicą

W ramach oficjalnych umów o międzynarodowej współpracy naukowej:

Kraj	Partner	Nazwa dokumentu	Okres obowiązywania
WĘGRY	University of Pécs, Hungary	Umowa dotyczy badań nt:” A retinal degeneration model is retinal ischemia induced by bilateral carotid artery occlusion”.	15.01.2014 na czas nieokreślony

Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi jednostka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia:

Lp.	Kraj	Partner	Zakres współpracy
1.	Austria	Medical University of Vienna, Department of Surgery, Vienna, Austria	Mechanizmy regulacji odpowiedzi immunologicznej immunologicznych i występowanie zakażeń wirusowych u pacjentów z tętniakiem aorty brzusznej.
2.	Czechy	Institute of Organic Chemistry and Biochemistry, Academy of Sciences of the Czech Republic.	Enzymatyczna synteza DNA/RNA-oligonukleotydów modyfikowanych klastrami boru.
3.	Czechy	Institute of Inorganic Chemistry, Academy of Sciences of the Czech Republic; Rez k. Pragi	Synteza i zastosowania biologiczne metalokarboranów i ich pochodnych
4.	Czechy	Institute of Inorganic Chemistry Academy of Sciences of the Czech Republic Department of Syntheses, CR, Hlavni 1, 250 68 Řež, Czech Republic	Cząsteczki wiążące DNA – synteza i właściwości interkalatorów DNA zawierających klastr boru.
5.	Chorwacja	Rudjer Boskovic Institute, Laboratory for Biomolecular Interactions and Spectroscopy, Zagreb, Croatia.	Badania spektroskopowe i in silico koniugatów urydyny i klastrów boru o potencjalnej aktywności biologicznej.
6.	Dania	University of Aarhus, Dania	Badania dotyczące proteaz serynowych MASP, uczestniczących w aktywacji dopełniacza na drodze lektynowej, fikolin oraz kolektyn.
7.	Dania	Southern Danish University, Odense, Denmark	Badania dotyczące kolektyn i fikolin.
8.	Finlandia	Department of Bacteriology and Immunology, Haartman Institute, Research Programs Unit, Immunobiology, University of Helsinki, Finlandia	Oddziaływanie czynników aktywacji dopełniacza na drodze lektynowej z bakteriami i lipopolisacharydami (LPS).
9.	Francja	CNRS-Université de Montpellier II 34 095 Montpellier Cedex 5 France. University of Montpellier, France,	Molekularne podstawy biosyntezy składników ściany komórkowej mykobakterii. Biosynteza ściany komórkowej mykobakterii.
10.	Francja	CNRS - University of Toulouse, Institute of Pharmacology and Structural Biology, Toulouse, France,	Funkcjonalne kompleksy u mykobakterii.
11.	Francja	University at Montpellier, France	Poszukiwanie miejsc docelowych dla nowych tuberkulostatyków.
12.	Indie	Birla Institute of Technology & Science-Pilani, Jawahar Nagar, Indie	Poszukiwanie miejsc docelowych dla nowych tuberkulostatyków.
13.	Japonia	Tokai University, Japonia	Badania dotyczące fikolin.
14.	Japonia	Department of Immunology, Fukushima Medical University, Fukushima, Japan	Badania dotyczące kolektyn i fikolin
15.	Norwegia	Norwegian University of Science and Technology, Institute of Cancer Research and Molecular Medicine, Trondheim, Norwegia	Zakażenia prenatalne i perinatalne ludzkim wirusem cytomegalii.
16.	Norwegia	The Norwegian Institute of Public Health (NIPH), Oslo, Norwegia	Molekularne mechanizmy działania immunotoksycznego czynników środowiskowych.

17.	Szwecja	Department of Computer and Information Science, Linköping University, Sweden	Bioinformatyczne analizy filogenetyczne genomów bakteryjnych na podstawie zróżnicowania liczebności, rozmieszczenia i typów sekwencji DNA pomiędzy mikrosatelitarnymi sekwencjami trójnukleotydowymi.
18.	Szwecja	Department of Mathematics, Uppsala University, Uppsala, Sweden	Prognozowanie rozwoju patogenności szczepów E. coli na podstawie wzorów TRS-PCR z wykorzystaniem algorytmu MuSSE.
19.	Ukraina	Taras Shevchenko National University of Koiv, Department of Theoretical Foundations of High Technologies of the Institute of High Technologies	Mechanizmy oddziaływania nanocząstek z wybranymi wirusami
20.	USA	University of Texas, Health Center at Tyler, USA	Poszukiwanie miejsc docelowych dla nowych tuberkulostatyków
21.	USA	University of Texas, Health Center at Tyler, USA	Badanie procesu podziału komórki oraz sygnalingu komórkowego.
22.	USA	Children's Hospital, Philadelphia, Pennsylvania, USA	Charakterystyka fenotypu myszy z nadekspresją ludzkiego genu kodującego alfa 1 kwaśną glikoproteinę.
23.	USA	National Institute of Diabetes & Digestive & Kidney Diseases, National Institutes of Health, Laboratory of Bioorganic Chemistry & Molecular Recognition Section, Bethesda, USA	Ligandy receptorów adenylinowych jako potencjalne terapeutyki.
24.	Wielka Brytania	University of Cambridge, Department of Pharmacology, Wielka Brytania,	Biogeneza bariery krew-mózg udział szlaków przekazywania sygnałów w regulacji ekspresji genów odpowiedzialnych za fenotyp barierowy.
25.	Wielka Brytania	Royal Free and University College Medical School, Royal Free Campus, Virology Department, Londyn, Wielka Brytania	Zastosowanie metody PCR w czasie rzeczywistym do wykrywania zakażeń HCMV. Zakażeniawirusem cytomegalii.
26.	Wielka Brytania	Sussex University, Falmer, Brighton, Wielka Brytania	DNA repair.
27.	Wielka Brytania	University of East Anglia, Norwich Wielka Brytania	Ligazy bakteryjne DNA repair.
28.	Wielka Brytania	University of East Anglia, Norwich Wielka Brytania	Poszukiwanie miejsc docelowych dla nowych tuberkulostatyków.
29.	Wielka Brytania	University of Sussex, School of Life Sciences, Department of Chemistry.	Nowe związki bioaktywne modyfikowane klastrami boru.

Wybrane ważniejsze osiągnięcia jednostki we współpracy z instytucjami zagranicznymi

Lp.	Kraj	Podmiot	Rodzaj osiągnięcia: wspólna publikacja, patent, nowa metoda badawcza, nowa technologia, grant, inne	Opis osiągnięcia
1.	Czech Republic; Spain	Institute of Organic Chemistry and Biochemistry , Czech Academy of Sciences, Flemingovo namesti 2, CZ-16610 Prague 6, Czech Republic. Departament d'Enginyeria Química, Universitat Rovira i Virgili , 26 Països Catalans, 43007 Tarragona, Spain. Department of Organic Chemistry, Faculty of Science, Charles University in Prague,	J Am Chem Soc IF=15,419; MEiN=200 pkt Carborane- or Metallacarborane-Linked Nucleotides for Redox Labeling. Orthogonal Multipotential Coding of all Four DNA Bases for Electrochemical Analysis and Sequencing. Kodr D, Yenice CP, Simonova A, Saftić DP, Pohl R, Sýkorová V, Ortiz M, Havran L, Fojta M, Lesnikowski ZJ , O'Sullivan CK,	Opracowanie enzymatycznej metody syntezy DNA zawierających znaczniki do detekcji elektrochemicznej do molekularnej diagnostyki medycznej. Zaproponowana metoda może stanowić alternatywę dla znakowania fluoroscencyjnego DNA i oparta jest w części elektrochemicznej na oryginalnych pracach

		Hlavova 8, Prague-2 12843, Czech Republic. Laboratory of Institute of Biophysics, Czech Academy of Sciences , Královopolská 135, 612 65 Brno, Czech Republic. Institució Catalana de Recerca i Estudis Avançats , Passeig Lluís Companys, 23, 08010, Barcelona, Spain.	Hocek M. 2021 May 12;143(18):7124-7134. doi: 10.1021/jacs.1c02222	zainicjowanych i przeprowadzonych w IBM PAN.
2.	Japan; Scotland, United Kingdom	Department of Applied Biochemistry , Tokai University, Hiratsuka, Japan. Scottish National Blood Transfusion Service, National Science Laboratory , Edinburgh, Scotland, United Kingdom. Department of Immunology, Fukushima Medical University , Fukushima, Japan.	Front Immunol IF=7,561; MEiN=140 pkt Polymorphisms of the FCN2 Gene 3'UTR Region and Their Clinical Associations in Preterm Newborns. Świerzko AS, Jarych D, Gajek G, Chojnacka K, Kobiela P, Kufelnicka-Babout M, Michalski M, Sobczuk K, Szala-Póździej A, Matsushita M, Mazela J, Domzalska-Popadiuk I, Kilpatrick DC, Kalinka J, Sekine H, Cedzyński M. 2021 Oct 28;12:741140. doi: 10.3389/fimmu.2021.741140	U noworodków urodzonych przed ukończeniem 33 tygodnia ciąży wykazano związek niskiego stężenia fikoliny-2 z wystąpieniem zespołu zaburzeń oddychania (ZZO); odnotowano też odwrotną korelację stężenia fikoliny-2 z czasem wentylacji mechanicznej, tlenoterapii, pobytu w oddziale intensywnej terapii (OIT) oraz pozytywną z punktacją w skali Abgar. Potwierdzono korelację stężenia fikoliny-2 w surowicy krwi pępowinowej z wiekiem ciążowym i masą urodzeniową.

We współpracy z ośrodkami zagranicznymi powstały m.in. następujące publikacje:

Lp.	Kraj	Podmiot	Rodzaj osiągnięcia: wspólna publikacja, patent, nowa metoda badawcza, nowa technologia, grant, inne
1.	Belarus	Faculty of Chemistry, Belarusian State University, Minsk, Belarus; Research Institute for Physical Chemical Problems, Belarusian State University, Minsk, Belarus Research Institute for Physical Chemical Problems, Belarusian State University, Minsk, Belarus	Biochemistry (Moscow), Suppl. Series B: Biomed Chem IF=0,000; MEiN=20 pkt In Silico Modeling of Isoniazid-Steroid Conjugates Interactions with Mycobacterial Cytochromes P450 and Their Bioconversion in Vitro by the Cells. Faletrov YV, Gilep KA, Falchevskaya AS, Horetski MS, Panada JV, Andrievskaya EV, Rudaya EV, Frolova NS, Brzostek A, Plocinska R, Shkumatov VM. 2021; May 14;15: 111-118
2.	Germany	Leibniz Institute of Polymer Research Dresden, Hohe Straße 6, Dresden 01069, Germany.	Biomacromolecules IF=6,988; MEiN=140 pkt Nanoparticles for Directed Immunomodulation: Mannose-Functionalized Glycodendrimers Induce Interleukin-8 in Myeloid Cell Lines. Jatzcak-Pawlik I, Gorzkiewicz M, Studzian M, Zinke R, Appelhans D, Klajnert-Maculewicz B, Pulaski Ł. 2021 Aug 9;22(8):3396-3407. doi: 10.1021/acs.biomac.1c00476
3.	Czech Republic	Institute of Inorganic Chemistry of the Czech Academy of Sciences, Hlavní 1001, 250 68 Rež, Czech Republic.	Cancers (Basel) IF=6,639; MEiN=140 pkt Interaction of Adenosine, Modified Using Carborane Clusters, with Ovarian Cancer Cells: A New Anticancer Approach against Chemoresistance. Bednarska-Szczepaniak K, Przelazły E, Kania KD, Szwed M, Litecká M, Grüner B, Leśnikowski ZJ. 2021 Jul 30;13(15):3855. doi: 10.3390/cancers13153855
4.	USA.	Laboratory of Bioorganic Chemistry and Molecular Recognition Section, National Institute of Diabetes & Digestive & Kidney Diseases, NIH, Bethesda, MD, 20892-0810, USA.	Eur J Med Chem IF=6,514; MEiN=140 pkt Synthesis and evaluation of adenosine derivatives as A1, A2A, A2B and A3 adenosine receptor ligands containing boron clusters as phenyl isosteres and selective A3 agonists. Bednarska-Szczepaniak K, Mieczkowski A, Kierozalska A, Pavlović Saftić D, Głabala K, Przygodzki T, Stańczyk L,

			Karolczak K, Watała C, Rao H, Gao ZG, Jacobson KA, Leśnikowski ZJ . 2021 Jun 11;223:113607. doi: 10.1016/j.ejmech.2021.113607
5.	Czech Republic; USA	CZ-OPENSREEN, Institute of Molecular Genetics of the Czech Academy of Sciences, Videňská 1083, 142 20 Prague, Czech Republic. ² Medicinal Chemistry Shared Resource, Comprehensive Cancer Center, The Ohio State University, Columbus, Ohio 43210, United States. ³ Division of Medicinal Chemistry and Pharmacognosy College of Pharmacy, The Ohio State University, Columbus, Ohio 43210, United States. ⁴ Division of Pharmaceutics and Pharmacology, College of Pharmacy, The Ohio State University, Columbus, Ohio 43210, United States. ⁶ Department of Pharmacology, Faculty of Medicine, Palacky University, Hněvotínská 3, 77515 Olomouc, Czech Republic. ⁷ Drug Development Institute, Comprehensive Cancer Center, The Ohio State University, Columbus, Ohio 43210, United States.	J Med Chem IF=7,446; MEiN=200 pkt Structure-Activity Relationship of para-Carborane Selective Estrogen Receptor β Agonists. Sedlák D, Wilson TA, Tjarks W, Radomska HS, Wang H, Kolla JN, Leśnikowski ZJ , Špičáková A, Ali T, Ishita K, Rakotondraibe LH, Vibhute S, Wang D, Anzenbacher P, Bennett C, Bartunek P, Coss CC. 2021 Jun 28. doi: 10.1021/acs.jmedchem.1c00555
6.	Japan; Scotland, United Kingdom	² Department of Applied Biochemistry, Tokai University, Hiratsuka, Japan. ⁶ Scottish National Blood Transfusion Service, National Science Laboratory, Edinburgh, Scotland, United Kingdom. ⁷ Department of Immunology, Fukushima Medical University, Fukushima, Japan.	Front Immunol IF=7,561; MEiN=140 pkt Polymorphisms of the FCN2 Gene 3'UTR Region and Their Clinical Associations in Preterm Newborns. Świerzko AS, Jarych D, Gajek G, Chojnacka K, Kobiela P, Kufelnicka-Babou M, Michalski M, Sobczuk K, Szala-Poździej A, Matsushita M, Mazela J, Domžalska-Popadiuk I, Kilpatrick DC, Kalinka J, Sekine H, Cedzyński M . 2021 Oct 28;12:741140. doi: 10.3389/fimmu.2021.741140
7.	Ukraine	Institute of High Technologies, Taras Shevchenko National University of Kyiv, 64/13 Volodymyrska St., 01033 Kyiv, Ukraine. Chuiko Institute of Surface Chemistry of National Academy of Sciences of Ukraine, 17 General Naumov St., 03164 Kyiv, Ukraine.	Molecules IF=4,411; MEiN=140 pkt Antiviral Effect of Nonfunctionalized Gold Nanoparticles against Herpes Simplex Virus Type-1 (HSV-1) and Possible Contribution of Near-Field Interaction Mechanism. Paradowska E, Studzińska M, Jabłońska A, Lozovski V, Rusinchuk N, Mukha I, Vitiuk N, Leśnikowski ZJ . 2021 Oct 1;26(19):5960. doi: 10.3390/molecules26195960
8.	Czech Republic	¹ Institute of Organic Chemistry and Biochemistry, Czech Academy of Sciences, Flemingovo namesti 2, CZ-16610 Prague 6, Czech Republic. ² Departament d'Enginyeria Química, Universitat Rovira i Virgili, 26 Països Catalans, 43007 Tarragona, Spain. ³ Department of Organic Chemistry, Faculty of Science, Charles University in Prague, Hlavova 8, Prague-2 12843, Czech Republic. ⁴ Laboratory of ⁵ Institute of Biophysics, Czech Academy of Sciences, Královopolská 135, 612 65 Brno, Czech Republic. ⁶ Institució Catalana de Recerca i Estudis Avançats, Passeig Lluís Companys, 23, 08010, Barcelona, Spain.	J Am Chem Soc IF=15,419; MEiN=200 pkt Carborane- or Metallocarborane-Linked Nucleotides for Redox Labeling. Orthogonal Multipotential Coding of all Four DNA Bases for Electrochemical Analysis and Sequencing. Kodr D, Yenice CP, Simonova A, Saftić DP , Pohl R, Sýkorová V, Ortiz M, Havran L, Fojta M, Leśnikowski ZJ , O'Sullivan CK, Hocke M. 2021 May 12;143(18):7124-7134. doi: 10.1021/jacs.1c02222
9.	Austria	² Department of Surgery, Division of Vascular Surgery, Medical University of Vienna, Vienna, Austria.	J Med Virol IF=2,327; MEiN=70 pkt Abdominal aortic aneurysm and virus infection: a potential causative role for cytomegalovirus infection? Jabłońska A , Zagraban B, Paradowska E , Neumayer C, Eilenberg W, Brostjan C, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. 2021 Aug;93(8):5017-5024. doi: 10.1002/jmv.26901
10.	Japan	Research Center and Department of Biotechnology, Toyama Prefectural University, 5180 Kurokawa, Imizu, Toyama, 939-0398, Japan.	Immunol Res IF=2,829; MEiN=100 pkt Hypoxia modulates human mast cell adhesion to hyaluronic acid. Pastwińska J, Walczak-Drzewiecka A, Kozłowska E, Harunari E, Ratajewski M, Dastych J . 2021 Nov 17. doi: 10.1007/s12026-021-09228-x
11.	Belgium	Research Group of Organic Chemistry, Departments of Chemistry and Bioengineering Sciences, Vrije Universiteit Brussel, Pleinlaan 2, 1050, Brussels,.	J Exp Clin Cancer Res IF= 11,161; MEiN=140 pkt Neuromedin U induces an invasive phenotype in CRC cells expressing the NMUR2 receptor. Przygodzka P, Sochacka E, Soboska K, Pacholczyk M, Papiewska-Pajak I, Przygodzki T, Płociński P, Ballet S, De Prins A, Boncela J . 2021 Sep 7;40(1):283. doi: 10.1186/s13046-021-02073-8

Wyjazdy pracowników naukowych poza granice kraju w 2021 r.

1. Mgr Ewelina Lechowicz oraz mgr Filip Gąsior doktorant szkoły doktorskiej *BioMedChem* w ramach realizacji projektu przyznanego przez NAWA (Narodowa Agencja Wymiany Akademickiej) w dniach od 6 do 13 października 2021 przebywali w CNRS - University of Toulouse, Institute of Pharmacology and Structural Biology, Toulouse, France, realizując temat: Funkcjonalne kompleksy u mykobakterii. Podczas wizyty w Tuluzie zapoznali się m.in. z technikami analiz lipidomicznych składu ściany komórkowej prątków gruźlicy. IPBS jest wiodącą grupą na świecie zajmująca się tego typu analizami.
2. Dr hab. Agnieszka Olejniczak, prof. IBM PAN, w dniach 04-06 listopada 2021 roku brała udział w stacjonarnej obronie pracy doktorskiej, jako recenzent pracy doktorskiej na Wydziale Fizyki i Chemii Makromolekularnej, Uniwersytet Karola w Pradze.

Publikacje

Cytowania

Doniesienia zjazdowe i konferencyjne

w 2021 r.

Publikacje naukowe IBM PAN w 2021 roku

Liczba ogółem	Monografie naukowe (lub rozdziały) wydane przez wydawnictwa zamieszczone w wykazie wydawnictw	Monografie naukowe (lub rozdziały) wydane przez wydawnictwa niezamieszczone w wykazie wydawnictw	Artykuły naukowe opublikowane w czasopismach naukowych i materiałach z konferencji zamieszczonych w wykazie czasopism	Artykuły naukowe opublikowane w czasopismach naukowych niezamieszczonych w wykazie czasopism	Pozostałe publikacje naukowe
48	-	-	48	-	-

LISTA PUBLIKACJI - 2021

(IF ; punktacja MNiSW za czasopismo)

- publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych, wyróżnionych przez Journal Citation Reports (JCR, lista A);

- ACS Sustainable Chem Eng.** IF=8,198; MEiN=140 pkt
In Vitro Anticancer and Antivirus Activities of Cyano- and Bis(Trifluoromethylsulfonyl)imide-Based Ionic Liquids. Musiał M, **Olejniczak AB**, **Denel-Bobrowska M**, Zorębski E, Dzida M. 2021, Nov 23, 9, 48, 16459-16465. doi:10.1021/acssuschemeng.1c06580
- Biochemistry (Moscow), Suppl. Series B: Biomed Chem** IF=0,000; MEiN=20 pkt
In Silico Modeling of Isoniazid-Steroid Conjugates Interactions with Mycobacterial Cytochromes P450 and Their Bioconversion in Vitro by the Cells. Faletrov YV, Gilep KA, Falchevskaya AS, Horetski MS, Panada JV, Andrievskaya EV, Rudaya EV, Frolova NS, **Brzostek A**, **Plocinska R**, Shkumatov VM. 2021; May 14;15: 111-118
- Biochim Biophys Acta Rev Cancer** IF=10,680; MEiN=200 pkt
The implication of IL-6 in the invasiveness and chemoresistance of ovarian cancer cells. Systematic review of its potential role as a biomarker in ovarian cancer patients. **Szulc-Kielbik I**, **Kielbik M**, Nowak M, **Klink M**. 2021 Dec;1876(2):188639. doi: 10.1016/j.bbcan.2021.188639
- Biomacromolecules** IF=6,988; MEiN=140 pkt
Nanoparticles for Directed Immunomodulation: Mannose-Functionalized Glycodendrimers Induce Interleukin-8 in Myeloid Cell Lines. Jatzcak-Pawlik I, Gorzkiewicz M, Studzian M, Zinke R, Appelhans D, Klajnert-Maculewicz B, **Pułaski Ł**. 2021 Aug 9;22(8):3396-3407. doi: 10.1021/acs.biomac.1c00476
- Cancers (Basel)** IF=6,639; MEiN=140 pkt
Interaction of Adenosine, Modified Using Carborane Clusters, with Ovarian Cancer Cells: A New Anticancer Approach against Chemoresistance. **Bednarska-Szczepaniak K**, **Przelazły E**, **Kania KD**, Szwed M, Litecká M, Grüner B, **Leśnikowski ZJ**. 2021 Jul 30;13(15):3855. doi: 10.3390/cancers13153855
- Cancers (Basel)** IF=6,639; MEiN=140 pkt
Snail Overexpression Alters the microRNA Content of Extracellular Vesicles Released from HT29 Colorectal Cancer Cells and Activates Pro-Inflammatory State In Vivo. **Papiewska-Pająk I**, **Przygodzka P**, **Krzyżanowski D**, **Soboska K**, **Szulc-Kielbik I**, Stasikowska-

Kanicka O, **Boncela J**, Wągrowaska-Danilewicz M, **Kowalska MA**. 2021 Jan 6;13(2):E172. doi: 10.3390/cancers13020172

7. **Cancers (Basel)** IF=6,639; MEiN=140 pkt
The Prognostic Value of Whole-Blood PSMB5, CXCR4, POMP, and RPL5 mRNA Expression in Patients with Multiple Myeloma Treated with Bortezomib. **Robak P, Jarych D, Mikulski D, Drózd I, Węglowska E, Kotkowska A, Misiewicz M, Smolewski P, Stawiski K, Fendler W, Szemraj J, Robak T**. 2021 Feb 25;13(2):E951. doi: 10.3390/cancers13050951
8. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
Calreticulin-Multifunctional Chaperone in Immunogenic Cell Death: Potential Significance as a Prognostic Biomarker in Ovarian Cancer Patients. **Kielbik M, Szulc-Kielbik I, Klink M**. 2021 Jan 11;10(1):E130. doi: 10.3390/cells10010130
9. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
Dissecting the RecA-(In)dependent Response to Mitomycin C in Mycobacterium tuberculosis Using Transcriptional Profiling and Proteomics Analyses. **Brzostek A, Płociński P, Minias A, Ciszewska A, Gašior F, Pawelczyk J, Dziadek B, Słomka M, Dziadek J**. 2021 May 11;10(5):1168. doi: 10.3390/cells10051168
10. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
Do Mast Cells Contribute to the Antifungal Host Defense? **Żelechowska P, Pastwińska J, Brzezińska-Błaszczyk E, Agier J**. 2021 Sep 22;10(10):2510. doi: 10.3390/cells10102510. Review
11. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
Imidazole-Thiosemicarbazide Derivatives as Potent Anti-Mycobacterium tuberculosis Compounds with Antibiofilm Activity. **Bekier A, Kawka M, Lach J, Dziadek J, Paneth A, Gatkowska J, Dzitko K, Dziadek B**. 2021, Dec 9, 10, 3476. doi.org/10.3390/cells10123476
12. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
LSD1 Facilitates Pro-Inflammatory Polarization of Macrophages by Repressing Catalase. **Sobczak M, Strachowska M, Gronkowska K, Karwaciak I, Pułaski Ł, Robaszkiewicz A**. 2021 Sep 18;10(9):2465. doi: 10.3390/cells10092465
13. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
Mycobacterium tuberculosis Binds Human Serum Amyloid A, and the Interaction Modulates the Colonization of Human Macrophages and the Transcriptional Response of the Pathogen. **Kawka M, Brzostek A, Dzitko K, Kryczka J, Bednarek R, Płocińska R, Płociński P, Strapagiel D, Gatkowska J, Dziadek J, Dziadek B**. 2021 May 20;10(5):1264. doi: 10.3390/cells10051264
14. **Cells** IF=6,660; MEiN=140 pkt
The TLR9 2848C/T Polymorphism Is Associated with the CMV DNAemia among HIV/CMV Co-Infected Patients. **Jabłońska A, Jabłonowska E, Studzińska M, Kamerys J, Paradowska E**. 2021 Sep 8;10(9):2360. doi: 10.3390/cells10092360
15. **Eur J Med Chem** IF=6,514; MEiN=140 pkt
Synthesis and evaluation of adenosine derivatives as A1, A2A, A2B and A3 adenosine receptor ligands containing boron clusters as phenyl isosteres and selective A3 agonists. **Bednarska-Szczepaniak K, Mieczkowski A, Kierozalska A, Pavlović Saftić D, Głabała K,**

Przygodzki T, Stańczyk L, Karolczak K, Watała C, Rao H, Gao ZG, Jacobson KA, **Leśnikowski ZJ**. 2021 2021 Nov 5;223:113607. doi: 10.1016/j.ejmech.2021.113607. Epub 2021 Jun 11

16. **Expert Opin Drug Discov** IF=6,098; MEiN=100 pkt
What are the current challenges with the application of boron clusters to drug design?
Leśnikowski ZJ. 2021 May;16(5):481-483. doi: 10.1080/17460441.2021.1867531. Epub 2020 Dec 28.
17. **Front Immunol** IF=7,561; MEiN=140 pkt
Neutrophil Elastase Defects in Congenital Neutropenia. Rydzynska Z, Pawlik B, **Krzyzanowski D**, Mlynarski W, Madzio J. 2021 Apr 22;12:653932. doi: 10.3389/fimmu.2021.653932 Review
18. **Front Immunol** IF=7,561; MEiN=140 pkt
Polymorphisms of the FCN2 Gene 3'UTR Region and Their Clinical Associations in Preterm Newborns. **Świerzko AS, Jarych D, Gajek G**, Chojnacka K, Kobiela P, Kufelnicka-Babout M, Michalski M, Sobczuk K, **Szala-Poździej A**, Matsushita M, Mazela J, Domzalska-Popadiuk I, Kilpatrick DC, Kalinka J, Sekine H, **Cedzyński M**. 2021 Oct 28;12:741140. doi: 10.3389/fimmu.2021.741140
19. **Front Microbiol** IF=5,640; MEiN=100 pkt
Early Drug Development and Evaluation of Putative Antitubercular Compounds in the - Omics Era. **Minias A, Żukowska L, Lechowicz E, Gąsior F, Knast A**, Podlewska S, **Zygała D, Dziadek J**. 2021 Feb 2;11:618168. doi: 10.3389/fmicb.2020.618168 Review
20. **Genes** IF=4,096; MEiN=100 pkt
ATP-Dependent Ligases and AEP Primases Affect the Profile and Frequency of Mutations in Mycobacteria under Oxidative Stress. **Brzostek A, Gąsior F**, Lach J, **Zukowska L, Lechowicz E, Korycka-Machala M**, Strapagiel D, **Dziadek J**. 2021 Apr 9;12:547. doi: 10.3390/genes12040547
21. **Helv Chim Acta** IF=2,164; MEiN=40 pkt
Hassell-Hart S, Picaud S, Lengacher R, Csucker J, Millet R, Gasser G, Alberto R, Maple H, Felix R, **Lesnikowski ZJ**, Stewart HJS, Chevassut TJ, Morley S, Filippakopoulos P, Spencer J. Probing BRD Inhibition Substituent Effects in Bulky Analogues of (+)-JQ1 2021 Mar 104(3) e2000214. doi: 10.1002/hlca.202000214
22. **Immunol Res** IF=2,829; MEiN=100 pkt
Hypoxia modulates human mast cell adhesion to hyaluronic acid. **Pastwińska J, Walczak-Drzewiecka A**, Kozłowska E, Harunari E, **Ratajewski M, Dastyh J**. 2021 Nov 17. doi: 10.1007/s12026-021-09228-x
23. **Int J Cardiol** IF=5,923; MEiN=100 pkt
Polymorphisms in the IL-6 and TNF- α gene are associated with an increased risk of abdominal aortic aneurysm. **Jabłońska A**, Zagraban B, Neumayer C, Eilenberg W, Scheuba A, Brostjan C, Demyanets S, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. 2021 Apr 15;329:192-197. doi: 10.1016/j.ijcard.2020.12.051
24. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
CdSe/ZnS Core-Shell-Type Quantum Dot Nanoparticles Disrupt the Cellular Homeostasis in

Cellular Blood-Brain Barrier Models. **Kania KD, Wagner W, Pułaski Ł.** 2021 Jan 22;22(3):1068. doi: 10.3390/ijms22031068

25. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Composites of Nucleic Acids and Boron Clusters (C2B10H12) as Functional Nanoparticles for Downregulation of EGFR Oncogene in Cancer Cells. Kaniowski D, Ebenryter-Olbinska K, Kulik K, Suwara J, Cypryk W, Jakobik-Kolon A, **Lesnikowski Z**, Nawrot B. 2021 May 4;22(9): 4853. doi: 10.3390/ijms22094863
26. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Design, synthesis, and evaluation of novel 3-carboranyl-1,8-naphthalimide derivatives as potential anticancer agents. **Rykowski S**, Gurda-Wozna D, Orlicka-Plocka M, Fedoruk-Wyszomirska A, Giel-Pietraszuk M, Wyszko E, Kowalczyk A, Staczek P, Bak A, Kiliszek A, Rypniewski W, **Olejniczak AB.** 2021 Mar 9;22(5): 2772. doi: 10.3390/ijms22052772
27. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Impact of Selected Signaling Proteins on SNAIL 1 and SNAIL 2 Expression in Ovarian Cancer Cell Lines in Relation to Cells' Cisplatin Resistance and EMT Markers Level. **Kielbik M, Szulc-Kielbik I, Klink M.** 2021 Jan 19;22(2):980. doi: 10.3390/ijms22020980
28. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Lactate Suppresses Retroviral Transduction in Cervical Epithelial Cells through DNA-PKcs Modulation. **Wagner W**, Sobierajska K, **Kania KD, Paradowska E**, Ciszewski WM. *Int J Mol Sci.* 2021 Dec 7;22(24):13194. doi: 10.3390/ijms222413194.
29. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Molecular Mechanisms of Chemoresistance Induced by Cisplatin in NSCLC Cancer Therapy. Kryczka J, **Kryczka J**, Czarnecka-Chrebelska KH, Brzezińska-Lasota E. 2021 Aug 18;22(16):8885. doi: 10.3390/ijms22168885
30. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Sample Preparation as a Critical Aspect of Blood Platelet Mitochondrial Respiration Measurements-The Impact of Platelet Activation on Mitochondrial Respiration. Siewiera K, Labieniec-Watala M, Wolska N, **Kassassir H**, Watala C. 2021 Aug 28;22(17):9332. doi: 10.3390/ijms22179332
31. **Int J Mol Sci** IF=5,923; MEiN=140 pkt
Targeting SIRT2 Sensitizes Melanoma Cells to Cisplatin via an EGFR-Dependent Mechanism. **Karwaciak I, Salkowska A, Karaś K, Dastyk J, Ratajewski M** 2021 May 10;22(9):5034. doi: 10.3390/ijms22095034
32. **J Am Chem Soc** IF=15,419; MEiN=200 pkt
Carborane- or Metallacarborane-Linked Nucleotides for Redox Labeling. Orthogonal Multipotential Coding of all Four DNA Bases for Electrochemical Analysis and Sequencing. Kodr D, Yenice CP, Simonova A, **Saftić DP**, Pohl R, Sýkorová V, Ortiz M, Havran L, Fojta M, **Lesnikowski ZJ**, O'Sullivan CK, Hocek M. 2021 May 12;143(18):7124-7134. doi: 10.1021/jacs.1c02222
33. **J Clin Med** IF=4,242; MEiN=140 pkt
Prognostic Value of Resistance Proteins in Plasma Cells from Multiple Myeloma Patients Treated with Bortezomib-Based Regimens. Robak P, Szemraj J, Mikulski D, Drozd I,

Juszczak K, **Jarych D**, Misiewicz M, Kościelny K, Fendler W, Robak T. 2021 Oct 28;10(21):5028. doi: 10.3390/jcm10215028

34. **J Clin Med** IF=4,242; MEiN=140 pkt
Pretreatment Serum Levels of IL-1 Receptor Antagonist and IL-4 Are Predictors of Overall Survival in Multiple Myeloma Patients Treated with Bortezomib. Mikulski D, Robak P, Perdas E, Węglowska E, Łosiewicz A, Dróżdż I, **Jarych D**, Misiewicz M, Szemraj J, Fendler W, Robak T. 2021 Dec 26;11(1):112. doi: 10.3390/jcm11010112.
35. **J Exp Clin Cancer Res** IF= 11,161; MEiN=140 pkt
Neuromedin U induces an invasive phenotype in CRC cells expressing the NMUR2 receptor. **Przygodzka P, Sochacka E, Soboska K**, Pacholczyk M, **Papiewska-Pajak I**, Przygodzki T, Płociński P, Ballet S, De Prins A, **Boncela J**. 2021 Sep 7;40(1):283. doi: 10.1186/s13046-021-02073-8
36. **J Med Chem** IF=7,446; MEiN=200 pkt
Structure-Activity Relationship of para-Carborane Selective Estrogen Receptor β Agonists. Sedlák D, Wilson TA, Tjarks W, Radomska HS, Wang H, Kolla JN, **Leśnikowski ZJ**, Špičáková A, Ali T, Ishita K, Rakotondraibe LH, Vibhute S, Wang D, Anzenbacher P, Bennett C, Bartunek P, Coss CC. 2021 Jun 28. doi: 10.1021/acs.jmedchem.1c00555
37. **J Med Virol** IF=2,327; MEiN=70 pkt
Abdominal aortic aneurysm and virus infection: a potential causative role for cytomegalovirus infection? **Jabłońska A**, Zagrapan B, **Paradowska E**, Neumayer C, Eilenberg W, Brostjan C, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. 2021 Aug;93(8):5017-5024. doi: 10.1002/jmv.26901
38. **Materials (Basel)** IF=3,623; MEiN=140 pkt
Differential Action of Silver Nanoparticles on ABCB1 (MDR1) and ABCC1 (MRP1) Activity in Mammalian Cell Lines. **Krzyzanowski D**, Kruszewski M, Grzelak A. 2021 Jun 18;14(12):3383. doi: 10.3390/ma14123383
39. **Molecules** IF=4,411; MEiN=140 pkt
Antiviral Effect of Nonfunctionalized Gold Nanoparticles against Herpes Simplex Virus Type-1 (HSV-1) and Possible Contribution of Near-Field Interaction Mechanism. **Paradowska E, Studzińska M, Jabłońska A**, Lozovski V, Rusinchuk N, Mukha I, Vitiuk N, **Leśnikowski ZJ**. 2021 Oct 1;26(19):5960. doi: 10.3390/molecules26195960
40. **Molecules** IF=4,411; MEiN=140 pkt
Phenolics-Rich Extracts of Dietary Plants as Regulators of Fructose Uptake in Caco-2 Cells via GLUT5 Involvement. Zakłós-Szyda M, Pietrzyk N, Kowalska-Baron A, Nowak A, Chałaśkiewicz K, **Ratajewski M**, Budryn G, Koziołkiewicz M. 2021 Aug 5;26(16):4745. doi: 10.3390/molecules26164745
41. **mSphere**. IF=4,389; MEiN=100 pkt
Lsr2 and Its Novel Paralogue Mediate the Adjustment of Mycobacterium smegmatis to Unfavorable Environmental Conditions. Kołodziej M, Łebkowski T, **Płociński P**, Hołówka J, Paściak M, Wojtaś B, Bury K, Konieczny I, **Dziadek J**, Zakrzewska-Czerwińska J. 2021 May 12;6(3):e00290-21. doi: 10.1128/mSphere.00290-21

42. **Nanomaterials** (Basel) IF=5,076; MEiN=100 pkt
Hyaluronic Acid-Based Nanocapsules as Efficient Delivery Systems of Garlic Oil Active Components with Anticancer Activity. Janik-Hazuka M, Kamiński K, Kaczor-Kamińska M, Szafraniec-Szczęsny J, Kmak A, **Kassassir H**, Watała C, Wróbel M, Zapotoczny S. 2021 May 20;11(5):1354. doi: 10.3390/nano11051354
43. **Oncol Lett** IF=2,967; MEiN 70 pkt
Recombinant immunotoxin targeting GPC3 is cytotoxic to H446 small cell lung cancer cells. Rodakowska E, **Walczak-Drzewiecka A**, Borowiec M, Gorzkiewicz M, Grzesik J, **Ratajewski M, Rozanski M, Dastyh J**, Ginalski K, Rychlewski L. 2021 Mar;21(3):222. doi: 10.3892/ol.2021.12483
44. **Sci Rep** IF=4,379; MEiN=140 pkt
Cholesterol-dependent transcriptome remodeling reveals new insight into the contribution of cholesterol to Mycobacterium tuberculosis pathogenesis. **Pawelczyk J, Brzostek A, Minias A, Płociński P, Rumijowska-Galewicz A**, Strapagiel D, Zakrzewska-Czerwińska J, **Dziadek J**. 2021 Jun 11;11(1):12396. doi: 10.1038/s41598-021-91812-0
45. **Sci Rep** IF=4,379; MEiN=140 pkt
Cobalamin is present in cells of non-tuberculous mycobacteria, but not in Mycobacterium tuberculosis. **Minias A, Gašior F, Brzostek A**, Jagielski T, **Dziadek J**. 2021 Jun 10;11(1):12267. doi: 10.1038/s41598-021-91430-w
46. **Sci Rep** IF=4,379; MEiN=140 pkt
Molecular analysis of Pseudomonas aeruginosa strains isolated from cystic fibrosis patients. **Jarych D**, Augustynowicz-Kopec E, Iwanska A, **Parniewski P, Majchrzak M**. 2021 Jul 29;11(1):15460. doi: 10.1038/s41598-021-95034-2
47. **Sci Total Environ** IF=7,963; MEiN=200 pkt
Cyanobacterial cell-wall components as emerging environmental toxicants - detection and holistic monitoring by cellular signaling biosensors. Gągała-Borowska I, **Karwaciak I**, Jaros D, **Ratajewski M**, Kokociński M, Jurczak T, Remlein B, Rudnicka K, **Pułaski Ł**, Mankiewicz-Boczek J. 2021 Oct 9:150645. doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.150645
48. **Vaccines** (Basel) IF=4,422; MEiN=140 pkt
Nucleocapsid and Spike Proteins of the Coronavirus SARS-CoV-2 Induce IL6 in Monocytes and Macrophages-Potential Implications for Cytokine Storm Syndrome. **Karwaciak I, Salkowska A, Karaś K, Dastyh J, Ratajewski M**. 2021 Jan 15;9(1):54. doi: 10.3390/vaccines9010054

**Liczba cytowań publikacji naukowych z afiliacją Instytutu Biologii
Medycznej PAN
na podstawie Science Citation Index
Web of Science Core Collection
za 2021 wynosi 1 332**

**Cytowania publikacji pracowników (B+R) zatrudnionych
w Instytucie Biologii Medycznej PAN za rok 2021**

LP	Nazwisko i imię	Stanowisko	Wymiar etatu w 2021 r.	Liczba cytowań
1.	Jarosław Dastych	Profesor	1,00	164
2.	Jarosław Dziadek	Profesor	1,00	262
3.	Maciej Cedzyński	Profesor	1,00	82
4.	Magdalena Klink	Profesor	1,00	104
5.	Maria Anna Kowalska	Profesor	1,00	202
6.	Zbigniew Leśnikowski	Profesor	1,00	278
7.	Paweł Parniewski	Profesor	1,00	35
8.	Anna Świerzko	Profesor	1,00	98
9.	Joanna Boncela	Profesor Instytutu	1,00	75
10.	Anna Brzostek	Profesor Instytutu	1,00	172
11.	Agnieszka Olejniczak	Profesor Instytutu	1,00	142
12.	Edyta Paradowska	Profesor Instytutu	1,00	88
13.	Łukasz Pułaski	Profesor Instytutu	1,00	154
14.	Marcin Ratajewski	Profesor Instytutu	1,00	78
15.	Waldemar Wagner	Profesor Instytutu	1,00	70
16.	Katarzyna Bednarska-Szczepaniak	Adiunkt	1,00	55
17.	Dawid Grzela	Adiunkt	1,00	75
18.	Katarzyna Kania	Adiunkt	1,00	69
19.	Iwona Karwaciak	Adiunkt	1,00	49
20.	Michał Kielbik	Adiunkt	1,00	60
21.	Małgorzata Korycka-Machała	Adiunkt	1,00	56
22.	Jakub Kryczka	Adiunkt	1,00	40
23.	Alina Minias	Adiunkt	1,00	54
24.	Izabela Papiewska-Pająk	Adiunkt	1,00	48
25.	Jakub Pawełczyk	Adiunkt	1,00	70
26.	Renata Płocińska	Adiunkt	1,00	46
27.	Przemysław Płociński	Adiunkt	0,25	89
28.	Patrycja Przygodzka	Adiunkt	1,00	74
29.	Aurelia Walczak-	Adiunkt	1,00	60

LP	Nazwisko i imię	Stanowisko	Wymiar etatu w 2021 r.	Liczba cytowań
	Drzewiecka			
30.	Gabriela Gajek	Asystent	1,00	34
31.	Dariusz Jarych	Asystent Pracownik inżynierski i techniczny	1,00 0,37	29
32.	Kaja Karaś	Asystent	1,00	52
33.	Hassan Kassassir	Asystent	1,00	33
34.	Aleksandra Kierozalska	Asystent	1,00	1
35.	Anna Kubiak-Szeligowska	Asystent	1,00	4
36.	Marta Majchrzak	Asystent	1,00	13
37.	Anna Sałkowska	Asystent	1,00	61
38.	Leonardo De Souza Martin	Asystent	1,00	0
39.	Maciej Studzian	Asystent	0,75	68
40.	Szala-Póździej Agnieszka	Asystent	0,87	40
41.	Izabela Szulc-Kiełbik	Asystent	1,00	33
42.	Daria Różycka	Asystent	1,00	15
43.	Anna Rumijowska-Galewicz	Asystent	1,00	41
44.	Rafał Bachorz	Specjalista, pracownik badawczo-techniczny	0,25	50
45.	Damian Krzyżanowski	Specjalista, pracownik badawczo-techniczny	1,00	12
46.	Dorota Borowiecka	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	0
47.	Tomasz Cieślowski	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	0
48.	Marta Denel-Bobrowska	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	7
49.	Agata Kraj	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	0
50.	Ewelina Lechowicz	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	1
51.	Joanna Pastwińska	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	41
52.	Michał Różański	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	4
53.	Kamila Soboska	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	10
54.	Krzysztof Śmiałkowski	Pracownik inżynierski i techniczny	1,00	0

Doniesienia zjazdowe i konferencyjne:

autor/tytuł/ nazwa konferencji/data/ miejsce

Wykaz wykładów i referatów konferencyjnych przedstawionych w 2021

Prof. Jarosław Dziadek: wykład pt. „*Choroby infekcyjne wyzwaniem XXI wieku – lekooporna gruźlica*”, 3. Kongres "Zdrowie Polaków" pod hasłem „Zdrowie Polaków, zdrowie każdego z nas to największy kapitał i największa inwestycja na przyszłość” 25 i 26 października 2021

Prof. Maciej Cedzyński: Gość Specjalny: VI Ogólnopolska Konferencja Doktorantów Nauk o Życiu BioOpen: wykład: „*Czynniki specyficzne dla aktywacji dopełniacza na drodze lektynowej u osób chorych na nowotwory hematologiczne*” – Księga Abstraktów, 73

A. Horoszczuk, A. Kowalczyk, **S. Rykowski, A. B. Olejniczak**, P. Stączek, „*Naphthalimide derivatives as topoisomerase II inhibitors in the context of antitumor activity*”, The International Medical Congress 21st Century Medicine, 26-27 March, 2021.

L. Żukowska, **A. Minias**, D. Zygala, **J. Dziadek:** *Mycobacterium tuberculosis* lineages involved in outbreaks worldwide, ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021

F. Gąsior, **P. Płociński, J. Dziadek, A. Brzostek**, *Determination of the Msmeg_1891 role in response to DNA damage in M. smegmatis*. ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021

A. Knast, **A. Minias, J. Dziadek**, *The evaluation of the level of natural selection on rpoB gene*. ESM Virtual Congress 2021, 28-29 June 2021, konferencja on-line.

D. Zygala, **A. Minias, J. Dziadek**, *Evaluation of the influence of natural selection on gyrA and gyrB genes encoding DNA gyrase*, ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021

A. Minias, D. Zygala, **J. Dziadek**, Evaluation of evolutionary patterning as a pipeline for identification of amino acid positions involved in the generation of drug-resistance. 4th Central European Biomedical Congress, 7-9 June 2021

S. Rykowski, D. Gurda-Woźna, M. Orlicka-Płocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko, A. Kowalczyk, A. Horoszczuk, P. Stączek, W. Rypniewski, **A. B. Olejniczak**, „*4-Substituted naphthalimides modified with carborane cluster- synthesis and their physicochemical and biological properties*”, 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021, Łódź.

D. Różycka, M. Denel-Bobrowska, A. Kowalczyk, P. Stączek, **A. B. Olejniczak**, „*Akrydyny modyfikowane klasterem boru – właściwości fizykochemiczne i biologiczne*,” 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021, Łódź.

M. Kowalczyk, **M. Denel-Bobrowska, A. B. Olejniczak**, G. Młostoń, „*Nieoczekiwane obserwacje w trakcie syntezy i testowania aktywności biologicznych nowych soli 1-alkoksy- i 1,3-dialkoksyimidiazoliowych*”, 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021, Łódź.

Dr hab. Marcin Ratajewski: wykład pt. „*The role of sirtuin 2 in the resistance of melanoma cells to anti-cancer drugs.*” Oncology Info 2021, Londyn, 26 listopada 2021 Konferencja on-line

Paradowska E., K. Kania, D. Hareża, M. Kawecka, D. Jarych, M. Wilczyński, A. Malinowski, J. Wilczyński. *Detection of HPV16 in ovarian cancer and fallopian tube specimens.* 34th International Papillomavirus Conference (IPVC 2021) 15-19 listopad 2021. Kanada, Toronto. Konferencja on-line, e- poster.

Lechowicz E. , Płociński P., Blaszczyk E., Dziadek J., “*The Role of PAP I and PNPase in the Control of tRNAs Maturation in Mycobacterium Tuberculosis*” International Conference on Immunology and Microbiology, November 15, 2021 Konferencja on-line

Wykaz wykładów i referatów ogłoszonych na zaproszenie organizacji i instytucji naukowych w 2021 r.

prof. dr hab. Jarosław Dziadek - Choroby infekcyjne wyzwaniem XXI wieku – lekooporna gruźlica. 3. Kongres "Zdrowie Polaków" pod hasłem „Zdrowie Polaków, zdrowie każdego z nas to największy kapitał i największa inwestycja na przyszłość” 25 i 26 października 2021 (on-line)

mgr Ewelina Lechowicz - Techniki izolacji RNA i możliwe zastosowania praktyczne (RNA-seq, RT-PCR). 08.06.2021 Wykład dla studentów Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego prowadzony w ramach praktyk (on-line)

Wykaz wykładów i wystąpień przedstawionych w 2021 na seminariach naukowych IBM PAN z użyciem platformy GoToMeeting,

26 kwietnia 2021

Dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN wykład pt: „SARS-CoV-2”.

24 maja 2021

Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN wykład pt: „Glikodendrymery poli (propylenoiminowe) brzmia w trzcinie: w poszukiwaniu zastosowań biologicznych dla trudnej do wymówienia nazwy”.

7 czerwca 2021

Dr Rafał Bachorz wykład pt: „Zastosowanie uczenia maszynowego do generowania cząsteczek o określonych własnościach”.

21 czerwca 2021 r.

Dr Katarzyna Bednarska-Szczepaniak wykład pt: „Sferoidy jako model badawczy do testowania związków przeciwrakowych na przykładzie koniugatów adenozyjni klasterów boru”.

28 czerwca 2021

Prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski wykład pt: „Krajowa Biblioteka Związków Chemicznych POL-OPENSSCREEN”.

5 lipca 2021

Mgr Joanna Kazmierczak (Proteon Pharmaceuticals S.A.) prezentacja tez rozprawy doktorskiej pt.: „Opracowanie metody diagnostycznej do identyfikacji szczepów *E. coli* patogennych dla drobiu”.

25 października 2021

Mgr Gabriela Gajek wykład pt. „Modulowanie biologicznej aktywności irinotekanu i jego metabolitu (SN38) przez ester fenyloetylowy kwasu kawowego (CAPE) w badaniach *in vitro*” (prezentacja tez rozprawy doktorskiej)

8 listopada 2021 r

Mgr inż. Dariusz Jarych wykład pt: „Molekularne markery oporności na leki z grupy inhibitorów proteasomu (PI) u pacjentów ze szpiczakiem plazmocytowym (*ang. plasma cell myeloma, PCM*)”.

22 listopada 2021

Mgr Daria Różycka wykład pt. „Karborany jako modulatory wybranych leków przeciwbakteryjnych i przeciwnowotworowych – opracowanie metod syntezy oraz badania właściwości fizykochemicznych i biologicznych”.

6 grudnia 2021 r

Dr Jakub Kryczka wykład pt: „Inhibicja kompetycyjna aktywności transporterów ABC przez leki przeciwnowotworowe - rola białka ABCC4 w metastazie komórek gruczolakoraka jelita grubego”.

Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

Konferencje naukowe

Konferencje naukowe (debaty, dyskusje, inne formy spotkań naukowych) organizowane/współorganizowane przez jednostkę,

Liczba ogółem: 1

z tego:

Nazwa konferencji miejsce, data	Organizator, współorganizatorzy	Rodzaj konferencji	
		krajowa	międzynarodowa
63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego Łódź 13-17 września 2021 r.	Łódzki Oddział Polskiego Towarzystwa Chemicznego. Uniwersytet Łódzki, Politechnika Łódzka, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN Instytut Biologii Medycznej PAN.	krajowa	

63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego

W dniach 13-17 września 2021 roku odbył się **63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego**. Zjazd został zorganizowany przez członków Oddziału Łódzkiego PTChem zatrudnionych w: Wydział Chemii UŁ, Wydział Chemiczny PŁ, Wydział Farmaceutyczny UMed W Łodzi, Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN oraz Instytut Biologii Medycznej PAN. Jednostkami organizującymi Zjazd były łódzkie uczelnie i instytuty naukowe: Uniwersytet Łódzki, Politechnika Łódzka, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych Polskiej Akademii Nauk w Łodzi oraz **Instytut Biologii Medycznej PAN**.

Zjazd miał charakter hybrydowy - obrady w 15 sekcjach naukowych (w tym Forum Młodych) oraz sesja plakatowa będą realizowane w trybie on-line, natomiast wykłady plenarne odbędą się stacjonarnie na Wydziale Filologicznym Uniwersytetu Łódzkiego (ul. Pomorska 171/173). Na Zjeździe zostały wręczone **Medale Stanisława Kostaneckiego** przyznane w ostatnich dwóch latach - **Prof. dr. hab. Zbigniewowi Szewczukowi** (2020 r.; Uniwersytet Wrocławski) oraz **Prof. dr. hab. Henrykowi Koroniakowi** (2021 r.; Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań). Medal Stanisława Kostaneckiego jest corocznie przyznawany członkom Polskiego Towarzystwa Chemicznego za wybitne osiągnięcia w zakresie chemii organicznej.

Zjazd odbył się w trybie hybrydowym - wykłady Laureatów Nagród i Medali PTChem zostały ogłoszone stacjonarnie w Auli A1 Wydziału Filologicznego Uniwersytetu Łódzkiego; prace w sekcjach, sesja e-plakatowa, spotkanie Forum Młodych odbyło się na online na platformie Cisco Webex. W ramach Zjazdu ogłoszono 15 wykładów plenarnych. Wykłady plenarne były również transmitowane online na kanale You Tube dla wszystkich uczestników Zjazdu. W ramach 15 sekcji tematycznych, prowadzonych przez wybitnych naukowców tak z Łodzi jak również z ośrodków naukowych poza Łodzią, zaprezentowano 65 wykładów sekcyjnych, 148 komunikatów sekcyjnych,

318 e-plakatów. W ramach spotkania koleżeńskiego Forum Młodych ogłoszono 2 wykłady. Ponadto uczestnicy Zjazdu mieli możliwość wysłuchania wykładów zaprezentowanych przez przedstawicieli przemysłu, takich firm jak PKN Orlen, Perlan, Phenomenex Polska, Rigaku. W Zjeździe, oprócz uczestników z Polski, uczestniczyli również naukowcy zagraniczni, którzy zaprezentowali wykłady plenarne jak również wykłady sekcyjne oraz komunikaty sekcyjne. W trakcie Zjazdu wręczono medale i nagrody Polskiego Towarzystwa Chemicznego dla Laureatów wyróżnionych w drodze konkursu w latach 2019 oraz 2020. W ramach programu socjalnego, dla uczestników Zjazdu, zorganizowano koncert organowo-saksofonowy w kościele Św. Mateusza w Łodzi (z możliwością zwiedzania kościoła). Koncert był również transmitowany na kanale YouTube. Specjalnie na ten Zjazd przygotowano film zat. "Łódzkie murale" opowiadający historię tego rodzaju sztuki w Łodzi jak również dokonano przeglądu aktualnych dzieł. Film został udostępniony wszystkim uczestnikom Zjazdu. Zjazd został objęty patronatem medialnym przez: TVP3 Łódź, Radio Łódź, Analityka, Przemysł Chemiczny, Wiadomości Chemiczne.

Popularyzacja osiągnięć na stronie internetowej:

Od dnia 20 marca 2018 roku decyzją Komisji Europejskiej Konsorcjum EU-OPENSREEN ma status europejskiego konsorcjum infrastruktury badawczej, European Research Infrastructure Consortium (ERIC). Polska, decyzją Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego jest jednym z krajów członków założycieli EU-OPENSREEN ERIC.

Projekt POL-OPENSREEN (Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej), będący wspólnym przedsięwzięciem polskiego Konsorcjum o tej samej nazwie, jest częścią europejskiego konsorcjum **EU-OPENSREEN** (www.eu-openscreen.eu). Celem Projektu EU-OPENSREEN jest zapewnienie Europie i uczestniczącym w projekcie krajom czołowej pozycji w obszarze nauk biologicznych i medycznych oraz stymulowanie badań przemysłowych i komercyjnego wykorzystania europejskiego potencjału w obszarze poszukiwań i wprowadzania nowych substancji bioaktywnych dla medycyny, rolnictwa, kosmetologii i innych, a także uzyskanie dostępu do wyników badań naukowych oraz prac rozwojowych.

Przedmiotem projektu jest przygotowanie bazy, konstrukcja i eksploatacja pan-europejskiej infrastruktury umożliwiającej tworzenie kolekcji związków chemicznych, wysoko-przepustowe badania przesiewowe, chemiczna synteza i optymalizacja metod otrzymywania związków-kandydatów na nowe leki oraz bioprofilowanie i badania *in vivo* tych związków. Przyjmuje się, że stworzona baza będzie otwarta i dostępna dla wszystkich zainteresowanych placówek naukowych, uczelni i przemysłu farmaceutycznego na ustalonych zasadach.

W dniu 20 marca 2018 roku Komisja Europejska podjęła decyzję o nadaniu Konsorcjum EU-OPENSREEN statusu europejskiego konsorcjum infrastruktury badawczej, European Research Infrastructure Consortium (ERIC). Polska, decyzją Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego jest jednym z krajów członków założycieli EU-OPENSREEN ERIC.

Cele i zadania partnerstwa polskiego są zbieżne z reprezentowanymi przez konsorcjum międzynarodowe, uwzględniając kompetencje poszczególnych jednostek oraz polską specyfikę i potrzeby. Przewiduje się dwa, wzajemnie uzupełniające się i komplementarne przedsięwzięcia: pierwszym celem cząstkowym jest utworzenie **Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych (KBZC)** przy Instytucie Biologii Medycznej (IBM PAN). Drugim celem cząstkowym jest konsolidacja istniejącej, krajowej infrastruktury badawczej i jej

wzmocnienie w celu zintensyfikowania przesiewowych badań biologicznych nowych związków chemicznych.

W skład konsorcjum POL-OPENSREEN wchodzi obecnie 8 instytucji i centrów badawczych aktywnych w obszarze nauk o życiu, poszukiwań nowych związków biologicznie aktywnych i badań nad lekiem (w kolejności alfabetycznej): **Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych (CBMiM) PAN** w Łodzi, **Instytut Biochemii i Biofizyki (IBB) PAN** w Warszawie, **Instytut Biologii Medycznej (IBM) PAN** w Łodzi (koordynator konsorcjum POL-OPENSREEN), **Sieć Badawcza Łukasiewicz-Instytut Biotechnologii Antybiotyków (IBA)** w Warszawie, **Instytut Chemii Bioorganicznej (ICHB) PAN** w Poznaniu, **Sieć Badawcza Łukasiewicz-Instytut Farmaceutyczny (IF)** w Warszawie, **Instytut Farmakologii (IF) PAN** w Krakowie, a od roku 2019 także **Instytut Genetyki Człowieka PAN**. Konsorcjum POL-OPENSREEN jest strukturą otwartą dla nowych członków i partnerów.

Cele i zadania partnerstwa polskiego są zbieżne z reprezentowanymi przez konsorcjum międzynarodowe, uwzględniając kompetencje poszczególnych jednostek oraz polską specyfikę i potrzeby. Przewiduje się dwa, wzajemnie uzupełniające się i komplementarne przedsięwzięcia: pierwszym celem częściowym jest utworzenie Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych (KBZC) przy Instytucie Biologii Medycznej (IBM) PAN. Drugim celem częściowym jest konsolidacja istniejącej, krajowej infrastruktury badawczej i jej wzmocnienie w celu zintensyfikowania przesiewowych badań biologicznych nowych związków chemicznych. W wyniku ewaluacji przez międzynarodowy zespół ekspertów trzy polskie instytucje, członkowie konsorcjum POL-OPENSREEN: Instytut Biologii Medycznej PAN, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN oraz Instytut Chemii Bioorganicznej PAN uzyskały status „partner sites” europejskiego konsorcjum EU-OPENSREEN ERIC. **W dniu 24 października 2018 r IBM PAN, koordynator konsorcjum, otrzymało z Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego decyzję w sprawie wniosku złożonego w imieniu konsorcjum POL-OPENSREEN o finansowaniu w wysokości 39 mln. zł udziału trzech wyróżnionych instytucji w konsorcjum europejskim. Środki te przeznaczone są na utworzenie Krajowej Biblioteki Związków Chemicznych i rozbudowę infrastruktury skryningowej.**

Należy podkreślić, że KBZC będzie pierwszym tego typu przedsięwzięciem w Kraju. Warto również zaznaczyć, że planowana infrastruktura badawcza będzie miała charakter nie tylko ponadregionalny, ale i międzynarodowy.

Informacje
o pozostałej aktywności naukowej
pracowników
Instytutu Biologii Medycznej PAN
w 2021 r.

Nagrody i wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników jednostki w roku sprawozdawczym

Nagrody krajowe przyznane za działalność naukową

(m.in. Prezydenta RP, Prezesa Rady Ministrów, nagrody PAN, nagrody akademii nauk i instytucji równorzędnych, nagrody resortowe, uczelni, fundacji, towarzystw, instytucji oraz osób działających na rzecz nauki, nagrody przyznawane przez jednostkę).

Lp.	Nazwa nagrody/wyróżnienia	Rok przyznania	Rodzaj uhonorowanej działalności	Laureaci	Organ/Instytucja przyznająca
1.	Srebrny Krzyż Zasługi	2021	Za zasługi na rzecz ochrony zdrowia publicznego	Dr hab. Edyta Paradowska	Prezydent Rzeczypospolitej Polskiej
2.	Brązowy Krzyż Zasługi	2021	Za zasługi na rzecz ochrony zdrowia publicznego	Prof. dr hab. Jarosław Dastych	Prezydent Rzeczypospolitej Polskiej
3.	Brązowy Krzyż Zasługi	2021	Za zasługi na rzecz ochrony zdrowia publicznego	Prof. dr hab. Jarosław Dziadek	Prezydent Rzeczypospolitej Polskiej
4.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2020	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Renata Anna Płocińska	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
5.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Patrycja Przygodzka	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
6.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Mgr Kaja Karaś	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
7.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Alina Minias	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
8.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Mgr Anna Sałkowska	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
9.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Izabela Szulc-Kielbik	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
10.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Aurelia Walczak-Drzewiecka	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
11.	Nagroda uznaniowa III stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2020	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Rafał Bachorz	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
12.	Nagroda uznaniowa III stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2020	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Katarzyna Bednarska-Szczepaniak	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
13.	Nagroda uznaniowa III stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Iwona Karwaciak	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
14.	Nagroda uznaniowa III stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Michał Kielbik	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
15.	Nagroda uznaniowa III stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Jakub Kryczka	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
16.	Nagroda uznaniowa III stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2018-2019	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Izabela Papiewska-Pająk	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
17.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN

18.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Prof. dr hab. Maciej Cedzyński	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
19.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr hab. Edyta Paradowska	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
20.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Prof. dr hab. Anna Świerzko	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
21.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Małgorzata Korycka-Machała	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
22.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Renata Płocińska	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
23.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Patrycja Przygodzka	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
24.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	dr Przemysław Płociński	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
25.	Nagroda uznaniowa I stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Mgr Gabriela Gajek	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
26.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	prof. dr hab. Jarosław Dastych	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
27.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Prof. dr hab. Magdalena Klink	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
28.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr hab. Marcin Ratajewski	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
29.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr hab. Joanna Boncela	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
30.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr hab. Agnieszka Olejniczak	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
31.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr hab. Łukasz Pułaski Łukasz	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
32.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr hab. Anna Brzostek	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
33.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Alina Minias	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
34.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Izabela Papiewska-Pajak	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
35.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Aurelia Walczak-Drzewiecka	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
36.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Izabela Szulc-Kiełbik	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
37.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Michał Kiełbik	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
38.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Agnieszka Szala-Póździej	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
39.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Jakub Kryczka	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN

40.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Jakub Pawełczyk	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN
41.	Nagroda uznaniowa II stopnia za osiągnięcia naukowe w latach 2017-2020	2021	Działalność naukowa lub naukowo-badawcza	Dr Iwona Karwaciak	Dyrektor Instytutu Biologii Medycznej PAN

Działalność jednostki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym

Ochrona własności intelektualnej

(dotyczy uprawnień jednostki z tytułu patentu/prawa ochronnego w myśl obowiązujących aktów prawnych z zakresu ochrony własności przemysłowej),

w tym:

– Wykaz uzyskanych patentów

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
1.	P.426638	10.08.2018	Pat. 238658 Data ogłoszenia UPRP dnia 24.06.2021	Koniugat składający się z insuliny ludzkiej lub jej znanego analogu oraz przyłączonego do niej kowalencyjnie metalokarboranu	Konrad Kowalski, Zbigniew J. Leśnikowski , Tomasz Goszczyński, Krzysztof Fink, Janusz Boratyński	Instytut Biologii Medycznej PAN Inst. Immunologii i Terapii Doswoadczałnej PAN we Wrocławiu	Urząd Patentowy Rzeczypospolitej Polskiej

– Wykaz uzyskanych patentów w 2021 roku, gdzie pracownik IBM PAN jest twórcą lub / współtwórcą

Lp.	Numer zgłoszenia patentowego	Data zgłoszenia patentowego	Numer prawa wyłącznego	Tytuł	Twórca / Twórcy (nazwisko i imię)	Nazwa uprawnionego z patentu	Kraj lub organizacja gdzie dokonano zgłoszenia
2.	16090772	03.04.2017	11077155	Bacteriophage strains and their applications (Szczepy bakteriofagów i ich zastosowania)	Arkadiusz Wojtasik Elżbieta Górecka Ewelina Wójcik Małgorzata Stańczyk Joanna Kolsut Justyna Klimczak Jarosław Dastych Andrzej Siwicki Patrycja Schulz	PROTEON PHARMACEUTICALS S A	Światowa Organizacja Własności Intelektualnej Kraje członkowskie WIPO (193 państwa członkowskie)

Kształcenie i rozwój kadry naukowej

Tytuł profesora nadany w 2021 roku przez Prezydenta RP:

1. **Prof. dr hab. Anna Świerzko** (w dziedzinie: nauk medycznych i nauk o zdrowiu / w dyscyplinie: nauki medyczne)
2. **Prof. dr hab. Maciej Cedzyński** (w dziedzinie: nauk medycznych i nauk o zdrowiu / w dyscyplinie: nauki medyczne)
3. **Prof. dr hab. Paweł Parniewski** (w dziedzinie: nauk medycznych i nauk o zdrowiu / w dyscyplinie: nauki medyczne)

Przewody doktorskie otwarte w IBM PAN

Imię i Nazwisko	Data wszczęcia przewodu doktorskiego	Temat rozprawy doktorskiej	Promotor
Pracownicy Instytutu Biologii Medycznej PAN			
Dariusz Jarych	29.03.2019	Analiza porównawcza genomów patogennych szczepów <i>Escherichia coli</i> w oparciu o sekwencjonowanie całogenomowe metodą NGS (Next Generation Sequencing)	Prof. dr hab. Paweł Parniewski Promotr pomocniczy: Dr inż. Marta Majchrzak
Osoby, które mają otwarte przewody doktorskie w Instytucie Biologii Medycznej PAN, ale nie są zatrudnione w Instytucie			
Mgr Marta Brzezińska	14.06.2013	Odpowiedź biologiczna makrofagów linii THP-1 na zakażenie prątkami gruźlicy pozbawionymi enzymów degradujących cholesterol, w badaniach in vitro.	Prof. dr hab. Magdalena Klink
Mgr Marcin Bartłomiejczyk	17.03.2015	Oddziaływanie czynników lektynowej drogi aktywacji dopełniacza z <i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv i jego biologiczne konsekwencje	Prof. dr hab. Anna Świerzko
Joanna Kazimierczak	29.03.2019	Opracowanie metody diagnostycznej do identyfikacji szczepów <i>E.coli</i> patogennych dla drobiu”.	Promotor: Prof. dr hab. Jarosław Dastyk Promotor pomocniczy: Dr n. biol. Dominik Strapagiel

Opieka nad studentami

1. *ERS – European Respiratory Society*

dr Antonia Saktiawati – ERS Long-Term Research Fellowship 2021 – LTRF2021-01-00901 (Długoterminowe Stypendium Badawcze) - opiekun prof. dr hab. Jarosław Dziadek

2. *IAESTE -Międzynarodowy program praktyk studenckich:*

Corinna Schödl (Austria) – 06.04.2021-11.06.2021; opiekun ze strony IBM PAN – dr Leonardo Martin, Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej.

3. *IAESTE -Międzynarodowy program praktyk studenckich:*

Terese Eisgruber (Niemcy) – 28.05.2021 – 27.06.2021; opiekun ze strony IBM PAN – pracownicy i doktoranci Pracowni Genetyki i Fizjologii *Mycobacterium*

Praktyki studenckie w ramach porozumień pomiędzy Uniwersytetem Łódzkim, Politechniką Łódzką, Uniwersytetem Medycznym w Łodzi a Instytutem Biologii Medycznej PAN:

- 1) **Piotr Jabłoński** (UŁ) – 05.07.2021-15.09.2021; opiekun ze strony IBM PAN – mgr Daria Haręża, Pracownia Wirusologii.
- 2) **Natalia Rutkowska** (PŁ) – 28.06.2021-23.07.2021; opiekun ze strony IBM PAN – dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN, Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej.
- 3) **Agnieszka Tokarczyk** (UMED) – 01.07.2021-28.07.2021; opiekun ze strony IBM PAN – mgr inż. Dariusz Jarych, Pracownia Wirusologii.
- 4) **Dominika Goss** (UŁ) – 01.02.2021-08.03.2021; opiekun ze strony IBM PAN – dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN oraz Gąsior mgr Lidia Zukowska i mgr Filip Gąsior a od 09.03.2021 do 30.06.2021; opiekun ze strony IBM PAN – dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN, mgr Filip Gąsior, mgr Agnieszka Knast, mgr Lidia Żukowska - Pracownia Fizjologii i Genetyki *Mycobacterium*.
- 5) **Natalia Rutkowska** (PŁ) – 28.06.2021-23.07.2021; opiekun ze strony IBM PAN – dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN, Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej.
- 6) **Anna Kłos** (PŁ) – 30.08.2021-24.09.2021; opiekun merytoryczny ze strony IBM PAN – prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski, opiekun ćwiczeń – mgr inż. Krzysztof Śmiałkowski, Pracownia Chemii Medycznej.
- 7) **Joanna Dybowska** (PŁ) – 30.08.2021 – 24.09.2021; opiekun merytoryczny ze strony IBM PAN – prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski, opiekun ćwiczeń – mgr inż. Krzysztof Śmiałkowski, Pracownia Chemii Medycznej.

Realizacja prac magisterskich:

1. **Daria Zygała** (rok akademicki 2020/2021) –Uniwersytet Łódzki - opiekun – **prof. dr hab. Jarosław Dziadek/ dr Alina Minias**

Tytuł: „Gyraza *Mycobacterium tuberculosis* jako tarcza dla leków przeciwpłatkowych”.

2. **Monika Kawecka** (rok akademicki 2020/2021) – Politechnika Łódzka, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Biotechnologia, Biotechnologia molekularna i Przemysłowa - opiekun – **dr hab. Edyta Paradowska**

Tytuł: „Wykrywania DNA wirusa brodawczaka ludzkiego u pacjentek z nabłonkowym rakiem jajnika”.

Doktoranci realizujący prace doktorskie w Instytucie Biologii Medycznej PAN:

• Pracownia Genetyki i Fizjologii *Mycobacterium*

pod opieką/promotorstwem **prof. dr hab. Jarosława Dziadka:**

1. **Katarzyna Struś** (Studium Doktoranckie Uniwersytetu Rzeszowskiego)
2. **Ewelina Lechowicz** (Studium Doktoranckie Uniwersytetu Łódzkiego)
3. **Lidia Żukowska** (Szkola Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi)

pod opieką/promotorstwem **dr hab. Anny Brzostek:**

1. **Filip Gąsior** (Szkola Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi)
2. **Daria Zygała** (Szkola Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi)

• Pracownia Chemii Medycznej

pod opieką/promotorstwem **prof. dr hab. Zbigniewa Leśnikowskiego:**

1. **Krzysztof Śmiałkowski** (Szkola Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi)

• Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej

pod opieką/promotorstwem **dr hab. Łukasza Pułaskiego, prof. IBM PAN:**

1. **Michał Różański** (Studium Doktoranckie, Wydział Lekarski Uniwersytetu Medycznego w Łodzi)
2. **Leila Khani Khouazani** (Szkola Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi)

• Pracownia Epigenetyki

pod opieką/promotorstwem **dr hab. Marcina Ratajewskiego, prof. IBM PAN:**

1. **Kaja Karaś** (Studium doktoranckie Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechnika Łódzka,)
2. **Katarzyna Chałaśkiewicz** (Interdyscyplinarna Szkola Doktorska Politechniki Łódzkiej)

• Pracownia Sygnalizacji Komórkowej

pod opieką /promotorstwem **dr hab. Joanny Bonceli, prof. IBM PAN / dr Patrycji Przygodzkiej** (promota pomocniczego)

1. **Kamila Soboska** (Studium Doktoranckie Uniwersytetu Łódzkiego)
2. **Ewelina Sochacka** (Studium Doktoranckie Uniwersytetu Łódzkiego)

- **Pracownia Wirusologii**

pod opieką/promotorstwem **dr hab. Edyty Paradowskiej prof. IBM PAN / dr Katarzyny D.**

Kania (promotora pomocniczego):

1. **Daria Anna Haręza** (Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi)

- **Laboratorium Skriningowe**

pod opieką/promotorstwem **dr hab. Agnieszki Olejniczak, prof. IBM PAN**

1. **Daria Różycka** (Studium Doktoranckie Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN, otwarcie przewodu doktorskiego na Wydziale Chemicznym Politechniki Łódzkiej)
2. **Sebastian Rykowski** (Studium Doktoranckie Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN, otwarcie przewodu doktorskiego na Wydziale Chemicznym Politechniki Łódzkiej)

- **Pracownia Immunologii Komórkowej**

pod opieką/promotorstwem **prof. dr. hab. Jarosława Dastycha:**

1. **Joanna Pastwińska** (Studium Doktoranckie Uniwersytetu Medycznego w Łodzi)
2. **Anna Salkowska** (Studium Doktoranckie, Wydział Nauk Biomedycznych i Kształcenia Podyplomowego Uniwersytetu Medycznego w Łodzi)

Działalność dydaktyczna pracowników jednostki

wyszczególnienie	Liczba osób prowadzących, ogółem:	
	zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia seminaria, itp.)	wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami)
1. w kraju		
a) w uczelniach	5	
b) w innych instytucjach		
2. za granicą		

Wykaz krajowych i/lub zagranicznych ośrodków naukowych, w których pracownicy jednostki prowadzili działalność dydaktyczną w roku sprawozdawczym.

1. **Dr hab. Łukasz Pułaski**, prof. IBM PAN – Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska; wykłady, seminaria ze studentami;
2. **Dr hab. Edyta Paradowska**, prof. IBM PAN – seminarium Mistrz-Uczeń, Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk;
3. **Prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski** – seminarium Mistrz-Uczeń, Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk;
4. **Prof. dr hab. Jarosław Dziadek** – seminarium Mistrz-Uczeń, Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk;
5. **Dr hab. Anna Brzostek**, prof. IBM PAN – seminarium Mistrz-Uczeń, Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk.

Działalność IBM PAN na rzecz terytorialnych struktur samorządowych

- **Współpraca z terytorialnymi strukturami w zakresie wsparcia działań diagnostycznych podczas pandemii COVID-19**

Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk w związku z sytuacją epidemiczną oraz potrzebami uruchomienia diagnostyki zakażeń koronawirusem SARS-CoV-2, już w marcu 2020 roku wsparł organizację i funkcjonowanie laboratorium wirusologicznego utworzonego w Centrum Kliniczno-Dydaktycznym Uniwersytetu Medycznego w Łodzi. Nowe laboratorium powstało w trybie pilnym dzięki współpracy specjalistów z łódzkiego środowiska naukowego, w tym Instytutu Biologii Medycznej PAN, Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego, firmy Proteon Pharmaceuticals S.A. Laboratorium rozpoczęło działalność dnia 23 marca 2020 r., a jego kierownikiem został prof. dr hab. n. med. Maciej Borowiec z Uniwersytetu Medycznego w Łodzi. Instytut Biologii Medycznej PAN wraz z pozostałymi instytucjami wyposażył uruchomione laboratorium w niezbędny sprzęt, specjalistów w zakresie

mikrobiologii, biologii molekularnej i wirusologii oraz uczestniczył w opracowaniu procedur diagnostycznych i bezpieczeństwa.

Pracownicy naukowcy Instytutu Biologii Medycznej PAN zaangażowali się dobrowolnie w ten projekt i do dzisiaj stanowią ważną część zespołu laboratorium. W pracach laboratorium na różnych stanowiskach specjalistycznych uczestniczy 12 pracowników naszego Instytutu, którzy wykonują analizy w trybie zmianowym.

Ponadto Instytut Biologii Medycznej, wraz z firmą Proteon Pharmaceuticals, utworzył we wrześniu 2020 roku w oparciu o laboratoria BSL-3 znajdujące się w budynku Instytutu, Laboratorium Centrum Diagnostyki Molekularnej Patogenów Proteon Pharmaceuticals S.A w Łodzi, które uzyskało akredytacje Krajowej Izby Diagnostów Laboratoryjnych i wpisane zostało na listę laboratoriów diagnostycznych COVID-19 prowadzoną przez Ministra Zdrowia. Laboratorium to wykonuje testy pozwalające na wykrycie zakażeń COVID-19 dla pracowników firm i osób prywatnych. Diagnostyka w kierunku koronawirusa SARS-CoV-2 wykonywana jest z zastosowaniem rekomendowanej przez WHO techniki genetycznej, RT-PCR, która jest najskuteczniejszym sposobem na wykrycie obecności wirusa SARS-CoV-2 w organizmie.

- W marcu 2021 roku uruchomiono genotypowanie wirusów nCov-2 w ramach wspólnego przedsięwzięcia IBM PAN, WBiOŚ UŁ, Proteon Pharmaceuticals S.A. i UMed.

- Współpraca, wsparcie aparaturowe i świadczenie usług diagnostycznych w dwóch laboratoriach diagnostycznych wykrywających zakażenia SARS-CoV-2:

Pracowni Wirusów Oddechowych Zakładu Diagnostyki Laboratoryjnej SP ZOZ Centralnego Szpitala Klinicznego Uniwersytetu Medycznego w Łodzi

Laboratorium Diagnostyczne Centrum Diagnostyki Molekularnej Patogenów Proteon Pharmaceuticals S.A. w Łodzi.

- **Nominacja prof. dr hab. Jarosława Dziadka do Rady Innowacji Województwa Łódzkiego powołanej na podstawie Uchwały Zarządu Województwa Łódzkiego nr 1413/15 z dnia 16.12.2015.**

Celem Rady Innowacji Województwa Łódzkiego jest wsparcie procesu wdrażania Regionalnej Strategii Innowacji dla Województw Łódzkiego –LORIS 2030 oraz sześciu Polityk Sektorowych Województwa Łódzkiego.

- **Współpraca z Urzędem Marszałkowskim Województwa Łódzkiego (Departament Polityki Regionalnej, Wydział Rozwoju Regionu) w realizacji Kontraktu Terytorialnego dla Województwa Łódzkiego.**

Przedsięwzięcie pn. „*Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Biologicznej (POL-OPENSREEN)*” zostało sklasyfikowane jako jedno z priorytetowych w Kontrakcie Terytorialnym dla Województwa Łódzkiego, zgodnie z zapisami art. 6 niniejszego dokumentu.

Przedmiotem Kontraktu jest określenie celów i przedsięwzięć priorytetowych o istotnym znaczeniu dla rozwoju kraju oraz Województwa Łódzkiego co, do których Strony deklarują współpracę w ramach realizacji właściwych programów operacyjnych na lata 2014-2020 oraz innych

instrumentów, z których mogą być finansowane przedsięwzięcia priorytetowe, przyczyniające się do osiągnięcia celów KT.

Kontrakt jest dostępny na stronie internetowej: <http://strategia.lodzkie.pl/kontrakt-terytorialny/kontrakt-terytorialny-dla-województwa-lodzkiego/>.

- W związku z licznymi pytaniami dotyczącymi pandemii napływającymi do Polskiej Akademii Nauk, dr hab. Edyta Paradowska, profesor Instytutu z Instytutu Biologii Medycznej PAN, wraz z dr hab. Egbertem Piaseckim z Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda PAN we Wrocławiu opracowali odpowiedzi na zagadnienia dotyczące koronawirusa SARS-CoV-2, które zostały opublikowane na stronie internetowej Polskiej Akademii Nauk.

INNE FORMY AKTYWNOŚCI w 2021 roku

Działalność ekspercka, przygotowywanie opinii, recenzji, udział w konsultacjach, udział w pracach komitetów programowych konferencji / zjazdów, przewodniczenie sesjom;

Dr Bednarska Szczepaniak

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *Oncology Reports*
 - *Oncology Letters*
 - *International Journal of Molecular Medicine, Spandidos*
 - *Cancers*
 - *Applied Sciences*
 - *Journal of Personal Medicine*
 - *Journal of Clinical Medicine*

Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *Cancers*
 - *International Journal of Molecular Science*
 - *Cells*
 - *BMC Cancer*
 - *Life Science*
 - *Cancers*
 - *Molecular Oncology*
 - *Frontiers in Oncology*
- Przygotowanie oceny Indywidualnego Planu Badawczego oraz sprawozdania z jego realizacji w Szkole Doktorskiej BioMedChem UŁ i Instytutów PAN w Łodzi
- Przygotowanie opinii n/t wniosku o nagrodę Wydziału II Nauk Biologicznych i Rolniczych PAN

Dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN

- Recenzent artykułów w czasopismach:
 - *Postępy Higieny i Medycyny Doświadczalnej*
 - *Journal of Applied Genetics*

Prof. dr hab. Maciej Cedzyński

- Recenzent artykułów w czasopismach:
 - *Frontiers in Immunology*
 - *Expert Review of Clinical Immunology*
 - *Hereditas*
 - *Infectious Diseases of Poverty*
 - *Immunobiology*
 - *Infection, Genetics and Evolution*
- Recenzent zagranicznego projektu badawczego (Blood Cancers UK, Wielka Brytania)

- Recenzent rozprawy doktorskiej Pani Weroniki Gonciarz (UŁ): „Patogeneza zakażeń *Helicobacter pylori* na modelu kawii domowych oraz modelach komórkowych *in vitro*”.

Prof. dr hab. Jarosław Dziadek

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *Acta Biochimica Polonica*;
 - *PLoS One*
 - *Scientific Reports*
- Recenzje projektów grantowych: NCN;
- Recenzje doktoratów, habilitacji, wniosków profesorskich;
- Przewodniczenie sesjom na konferencjach

Dr Hassan Kassassir

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
International Journal of Molecular Sciences,
Medicina
Journal of Clinical Medicine
Oral Diagnostics

Prof. dr hab. Magdalena Klink

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *Acta Biochimica Polonica*
 - *BMC Cancer*
 - *Cancers*
- Recenzja pracy doktorskiej

Prof. dr hab. Maria A. Kowalska

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *Blood*
 - *Thrombosis and Haemostasis*

Dr Jakub Kryczka

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *Bioengineered* wydawnictwo Taylor & Francis.

Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski

- Recenzent artykułów naukowych w czasopismach:
 - *Bioconjugate*
 - *International Journal of Molecular Sciences*
 - *European Journal of Medicinal Chemistry*
 - *Acta Pharmaceutica Sinica*
 - *Chemical Communications*

- *Cells*
- *Chemical Data Collections*
- *Chemistry - European Journal*
- *Journal of Organic Chemistry*
- *Molecules*
- *Pharmaceuticals*
- *Nanomaterials*
- Recenzent 3 wniosków profesorskich, 1 doktoratu (Finlandia)

Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN

- Recenzent artykułów naukowych w czasopismach:
 - *Bioorganic Chemistry*
 - *Farmacja Polska*
 - *Molecules*
- Recenzent projektów Narodowego Centrum Nauki (ocena projektów Miniatura)
- Członkini Komisji Rekrutacyjnej Szkoły Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów PAN w Łodzi na rok akademicki 2021/2022.
- Członkini Komitetu Honorowego oraz Komisji Oceniającej XII Sesji Magistrantów i Doktorantów Łódzkiego Środowiska Chemików
- Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego 63. Zjazdu Naukowego Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021 roku.
- Członkini Krajowego Naukowego Komitetu Doradczego 23rd International Conference on Phosphorus Chemistry, Częstochowa, Poland, July 4-9, 2021.
- Współprzewodniczenie sekcji wykładów plenarnych podczas 63. Zjazdu Naukowego Polskiego Towarzystwa Chemicznego (13-17 września 2021), prowadzenie sesji w dniu 16 września 2021 r.

Dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN

- Recenzent artykułów naukowych w czasopismach:
 - *Immunological Investigation*
 - *Frontiers in Immunology*
 - *Viruses*
 - *Cancer Epidemiology (Elsevier)*
 - *Journal of Medical Virology*
 - *Immunology Letters*
 - *Vaccines*

Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. IBM PAN

- Recenzent artykułów naukowych do czasopism:
 - *International Journal of Molecular Sciences*
 - *Bioinformatics*
 - *Molecules*
 - *Acta Biochimica Polonica*

Dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN

- Recenzent artykułów w czasopismach:

- Acta Biochimica Polonica*
- Biochemistry and Cell Biology*
- BioMed Research International*
- BMC Immunology*
- BMC Research Notes*
- British Journal of Dermatology*
- Cancers*
- Cell Adhesion & Migration*
- Cells*
- Current Pharmaceutical Design*
- International Journal of Molecular Sciences*
- Immuno*
- Immunologic Research*
- Journal of Cellular and Molecular Medicine*
- Journal of Molecular Medicine*
- Journal of Pain Research*
- Life Sciences*
- Metabolites*
- Metabolic Brain Disease*
- Molecular Biology Reports*
- Molecular Therapy – Nucleic Acids*
- Molecular Therapy – Oncolytics*
- Molecules*
- Pharmaceuticals*
- Plasmid*
- Proteomes*
- Reviews in Cardiovascular Medicine*
- Oncogene*
- OncoTargets and Therapy*
- World Journal of Hepatology*
- World Journal of Virology*

CZŁONKOSTWO WE WŁADZACH I PEŁNIONE FUNKCJE W ZAGRANICZNYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH TOWARZYSTWACH, ORGANIZACJACH I INSTYTUCJACH NAUKOWYCH ORAZ KOMITETACH REDAKCYJNYCH CZASOPISM NAUKOWYCH O ZASIĘGU MIĘDZYNARODOWYM

1. Członkostwo we władzach i funkcje pełnione przez pracowników jednostki naukowej w zagranicznych lub międzynarodowych towarzystwach, organizacjach i instytucjach naukowych lub artystycznych, których członkowie pochodzą, co najmniej z 10 państw:

Wykaz: / Osoba; Nazwa organizacji; Pełniona funkcja; Rok wyboru; /

2. Członkostwo i funkcje pełnione przez pracowników jednostki naukowej w komitetach redakcyjnych czasopism naukowych znajdujących się w bazach ERIH lub JCR, w tym funkcje redaktora naczelnego:

Wykaz: / Nazwa czasopisma; Baza; Impact factor; Osoba; Pełniona funkcja; Rok wyboru; /

Prof. dr hab. Maciej Cedzyński

- WebMedCentral, Editor (od 2012)
- FRONTIERS IN IMMUNOLOGY **IF 5.085** - członek redakcji (Editorial Board – Review Editor), od 2015
- CANCERS (**IF 6.126**) – członek redakcji (Editorial Board – Topic Editor), od 2020

Prof. dr hab. Jarosław Dastyk

- FRONTIERS IN IMMUNOLOGY (Open Access journal). **IF 5.085**
Członek Redakcji (Editorial Board) od 2015

Prof. dr hab. Jarosław Dziadek

- FRONTIERS IN CELLULAR AND INFECTION MICROBIOLOGY; **IF 4,3**
Członek Redakcji (Editorial Board – Review Editor), od 2017
- JOURNAL OF APPLIED GENETICS; **IF 2,0** Editorial Board – Review Editor

Dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN

- PHARMACEUTICALS – special issue: Epigenetic Drugs. **IF 5,863**
Guest editor – 2020-2021
- PHARMACEUTICALS; **IF 5,863** – członek redakcji (Topical Advisory Panel) od 2020.

Prof. dr hab. Zbigniew J. Leśnikowski

- MOLECULES (Open Access journal). (**IF 4.4**)
Członek Redakcji (Editorial Board) od 2020

3. Członkostwo i funkcje pełnione przez pracowników jednostki naukowej w komitetach redakcyjnych czasopism naukowych nieposiadających współczynnika wpływu Impact Factor (IF), za publikację, w których przyznaje się co najmniej 8 pkt zgodnie z wykazem Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego, o którym mowa w § 14 ust. 3 pkt 2 rozporządzenia, w tym funkcję redaktora naczelnego:

Wykaz: / Nazwa czasopisma; LP. w wykazie; Osoba; Pełniona funkcja; Rok wyboru; /

Prof. dr hab. Jarosław Dziadek

- GERMAN JOURNAL of MICROBIOLOGY; Członek Redakcji (Editorial Board);

4. Członkostwo pracowników jednostki naukowej w zespołach eksperckich powołanych przez organy lub instytucje państwowe oraz instytucje zagraniczne lub międzynarodowe:

Wykaz: / Nazwa zespołu; Osoba; Instytucja powołująca/

Dr Katarzyna Bednarska-Szczepaniak

- Członek Komisji Dyscyplinarnej Instytutu Biologii Medycznej PAN na lata 2020-2023

Dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN

- Członek Komisji Komisji ds. Stopni Naukowych Instytutu Biologii Medycznej PAN kadencji 2020-2023

Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN

- Zastępca Przewodniczącej Komisji do spraw Ocen Pracowników przy Radzie Naukowej Instytutu Biologii Medycznej PAN (2016-2019) (2020-2023);
- Członek Komisji ds. Stopni Naukowych Instytutu Biologii Medycznej PAN kadencji 2020-2023
- Członek Komitetu Biologii Molekularnej Komórki PAN, kadencja 2020-2023
- Członek Rady Szkoły Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi
- Członek komisji rekrutacyjnej Szkoły Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Prof. dr hab. Maciej Cedzyński

- Zespół Ekspertów w dziale Nauk o Życiu; Narodowe Centrum Nauki
- Przewodniczący Komisji Rady Naukowej ds. Przeprowadzenia Czynności w Sprawie Nadania Stopnia Doktora Nauk Medycznych kadencji 2020-2023
- Przewodniczący Komisji Rady Naukowej ds. Przeprowadzenia Czynności w Sprawie Nadania Stopnia Doktora Nauk Medycznych kadencji 2020-2023
- Rzecznik Dyscyplinarny kadencji 2016-2019 oraz 2020-2023
- Członek Komitetu Immunologii i Etiologii Zakażeń Człowieka PAN kadencji 2020-2023

Prof. dr hab. Jarosław Dastych

- Przewodniczący Komisji Komisji ds. Stopni Naukowych Instytutu Biologii Medycznej PAN kadencji 2020-2023
- Zespół Ekspertów w dziale Nauk o Życiu; Narodowe Centrum Nauki w latach: 2011; 2012; 2017
- Wiceprezes Polskiego Towarzystwa Biologii Medycznej od 2014
- Członek Zarządu Stowarzyszenia Małych i Średnich Firm Innowacyjnych Sektora Life Science Polish Biotech Association od 2014
- Przewodniczący Komisji Dyscyplinarnej IBM PAN na lata 2016-2020 i 2020-2023

Prof. dr hab. Jarosław Dziadek

- Członek zespołu Konferencji Rektorów Akademickich Szkół Polskich i Polskiej Akademii Nauk do spraw szkół doktorskich prowadzonych wspólnie przez uczelnie i instytuty naukowe PAN od 2021;

- Zespół Ekspertów w panelu Nauk o Życiu; Narodowe Centrum Nauki
- Zastępca przewodniczącego Komitetu Biologii Molekularnej Komórki Polskiej Akademii Nauk, od 2016
- Zastępca Przewodniczącego Komitetu Mikrobiologii Polskiej Akademii Nauk, od 2008-2016
- Członek Rady Naukowej Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN kadencji 2015-2018 i kadencji 2019-2022
- Członek Rady Naukowej Instytutu - Centrum badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN kadencji 2019-2022.
- Członek Rady Oddziału Polskiej Akademii Nauk w Łodzi do 2013
- Przewodniczący Konferencji Instytutów Naukowych Łodzi i Województwa Łódzkiego przy Polskiej Akademii Nauk Oddział Łódź (KIN) od 17.10.2014.
- Członek Rady Innowacji Województwa Łódzkiego od 16.12.2015
- Członek Rady Naukowej recenzowanego czasopisma medycznego *Journal of Health Study and Medicine* – ISSN 2451-1471
- Członek Komitetu Naukowego “Bionanopark” sp. z o.o. w Łodzi od 22 marca 2019.
- Członek zespołu doradczego do oceny wniosków o przyznanie stypendiów ministra właściwego do spraw szkolnictwa wyższego i nauki dla studentów i wybitnych młodych naukowców od 05.09.2019.
- Członek Komitetu Honorowego X Sesji Magistrantów i Doktorantów Łódzkiego Środowiska Chemików
- Członek zespołu oceniającego stypendia przy Ministerstwie Edukacji i Nuki.

Dr Hassan Kassassir

- Członek Komisji ds. Bioetyki Badań Naukowych przy Uniwersytecie Łódzkim od 2020

Prof. dr hab. Magdalena Klink

- Z-ca Przewodniczącego Komisji Rady Naukowej ds. Przeprowadzenia Czynności w Sprawie Nadania Stopnia Doktora Nauk Medycznych kadencji 2020-2023
- Członek Komisji Komisji ds. Stopni Naukowych Instytutu Biologii Medycznej PAN kadencji 2020-2023

Prof. dr hab. Zbigniew Leśnikowski

- Członek Łódzkiego Oddziału PAN. Rok wyboru 2003
- Członek Komisji Współdziałania Nauk Chemiczno-Biologiczno-Medycznych przy Prezydium Łódzkiego Oddziału PAN, 2007-obecnie
- Członek Rady Naukowej Narodowego Centrum Badań Jądrowych kadencji 2017-2021
- Członek Komisji Komisji ds. Stopni Naukowych Instytutu Biologii Medycznej PAN kadencji 2020-2023

Dr hab. Agnieszka B. Olejniczak, prof. IBM PAN

- Członek Zespołu doradczego do spraw projektów zgłoszonych w ramach programu pod nazwą „Regionalna Inicjatywa Doskonałości” na okres od dnia 15 lutego 2019 roku do dnia 30 czerwca 2023 roku.
- Recenzent projektów Narodowego Centrum Nauki (ocena projektów Miniatura) w ramach panelu ST5.
- Ekspert Narodowej Agencji Wymiany Międzynarodowej (NAWA); ocena wniosków w ramach Programu im. Bekkera

- Ekspert do oceny projektów BIOTECHMED ramach Centrum Badawczego POB Biotechnologia i inżynieria biomedyczna Projektu "Inicjatywa Doskonałości - Uczelnia Badawcza
- Przewodnicząca Łódzkiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Chemicznego (PTChem) na lata 2019-2021.
- Członek Zarządu Głównego PTChem w latach 2019-2021.
- Elektor na Wybory władz polskiego towarzystwa Chemicznego w dniu 13 września 2021 roku w Łodzi.
- Przewodnicząca Komisji Skrutacyjnej przy IBM PAN

Dr Izabela Papiewska-Pająk

- Sekretarz Rady Naukowej IBM PAN kadencji 2020-2023

Dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN

- Członek Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Wirusologicznego. Rok wyboru 2017
- Zespół Ekspertów w panelu Nauk o życiu; Narodowe Centrum Nauki

Dr hab. Łukasz Bronisław Pułaski, prof. IBM PAN

- Członek Komisji ds. Stopni Naukowych Instytutu Biologii Medycznej PAN kadencji 2020-2023
- Przewodniczący Zespół Ekspertów NZ1 w dziale Nauk o Życiu; Narodowe Centrum Nauki
- Przewodniczący Zespołu Stałego w dziale Nauk o Życiu; Narodowe Centrum Nauki

Dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN

- Członek Komisji ds. Ocen Pracowników zatrudnionych w IBM PAN (2012-2015, 2016-2019; 2020-2023)

Dr Aurelia Walczak-Drzewiecka

- Członek Komisji Dyscyplinarnej IBM PAN na lata 2016-2020.

Finanse Instytutu Biologii Medycznej PAN w 2021 r.

Przychody ogółem	12 147 269,24 zł
Działalność statutowa	5 945 299,64 zł
Projekty badawcze krajowe i zagraniczne	5 311 686,73 zł
Dotacje na sfinansowanie odpisów amortyzacyjnych	256 436,67 zł
Przychody z działalności usługowej	398 754,47 zł
Przychody finansowe	1 528,29 zł
Pozostałe przychody	233 563,44 zł
Koszty ogółem	11 653 833,20 zł
Amortyzacja	884 514,31 zł
Zużycie materiałów i energii	3 200 219,01 zł
Wynagrodzenia	4 917 933,50 zł
Ubezpieczenia społeczne i inne świadczenia	987 344,23 zł
Podatki i opłaty	51 727,00 zł
Usługi obce	1 104 323,17 zł
Koszty finansowe	8 169,84 zł
Pozostałe koszty	499 602,14 zł
Wynik finansowy brutto (zysk)	493 436,04 zł
Podatek dochodowy	7 070,00 zł
Wynik finansowy netto (zysk)	486 366,04 zł

Stan środków w kasie IBM PAN wg. stanu na dzień 31.12.2021 r.	12 340,00 zł
Stan środków na kontach bankowych IBM PAN wg. stanu na dzień 31.12.2021 r.	11 082 161,15 zł
Stan środków IBM PAN w depozycie overnight wg. stanu na dzień 31.12.2021 r.	830 966,05 zł
RAZEM	11 925 467,20 zł

<i>Subwencja na 2021 rok</i>	<i>5 385 800,00 zł</i>
------------------------------	------------------------

SIECI NAUKOWE

Sieć „Bakteriofagi dla Innowacyjności Polskiej Gospodarki”

W dniu 26 marca 2019 roku pomiędzy:

1. **Instytutem Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie,**
reprezentowanym przez prof. dr hab. Piotra Zielenkiewicza
Dyrektora Instytutu
2. **Uniwersytetem Gdańskim,**
reprezentowanym przez dr hab. Jerzego Piotra Gwizdałę, prof. nadzw.
Rektora Uniwersytetu
3. **Instytutem Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk,**
reprezentowanym przez prof. dr hab. Jarosława Dziadka
Dyrektora Instytutu

została zawarta Umowa Konsorcjum powołująca Sieć pod nazwą „**Bakteriofagi dla Innowacyjności Polskiej Gospodarki**”, Liderem konsorcjum strony ustanowiły Instytut Biochemii i Biofizyki PAN. Sieć została utworzona w celu podjęcia wspólnych działań na rzecz zrzeszania polskich naukowców i przedsiębiorców prowadzących badania nad bakteriofagami lub zainteresowanych wykorzystaniem wyników tych badań, dla stworzenia platformy wymiany informacji, oraz podejmowania inicjatyw w zakresie prac rozwojowych, innowacji i wdrożeń służących m. in. komercjalizacji nowych technologii biomedycznych i biokontrolnych, metod diagnostycznych i terapeutycznych, promowaniu współpracy międzynarodowej.

REGIONALNE CENTRUM BADAŃ CHEMICZNYCH, BIOLOGICZNYCH I MEDYCZNYCH POLSKIEJ AKADEMII NAUK W ŁODZI

Dyscypliny:

nauki chemiczne, nauki biologiczne, biologia medyczna;

Członkowie:

1. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych Polskiej Akademii Nauk w Łodzi,
2. Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk w Łodzi,
3. Międzynarodowe Centrum Ekologii Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Cel Sieci realizowany będzie poprzez:

Współpracę jednostek naukowych, tworzących Sieć związaną z prowadzonymi przez te jednostki w ramach działalności statutowej badaniami naukowymi lub pracami rozwojowymi;

Prowadzenie badań naukowych uzupełniających w stosunku do zadań wykonywanych w ramach działalności statutowej jednostek naukowych tworzących sieć naukową, niezbędnych do rozwoju specjalności naukowej Sieci;

Prowadzenie badań rozwojowych i wdrożeniowych w ścisłej współpracy z użytkownikami tych badań, w tym z uczestnikami Sieci;

Tworzenie płaszczyzny wymiany doświadczeń i współpracy pomiędzy uczestnikami Sieci poprzez spotkania, wspólne seminaria i konferencje;

Realizację usług badawczych, technologicznych i laboratoryjnych na rzecz placówek niewchodzących w skład Sieci oraz małych i średnich przedsiębiorstw;

Upowszechnianie wyników badań, organizację programu szkoleniowego dla pracowników nauki;

Powiązanie programu badawczego z założeniami strategii innowacyjnej kraju;

Doradztwo w dziedzinie transferu innowacji i technologii oraz udziału w europejskich programach badawczych;

Pozyskiwanie środków finansowych ze źródeł krajowych oraz z zagranicy;

Tworzenie i upowszechnianie informacji w zakresie działania Sieci naukowej.

Przynależność Instytutu Biologii Medycznej PAN do konsorcjów naukowych

Międzynarodowe Konsorcjum

- **EU-OPENSSCREEN, *European Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology***

W dniu 27 grudnia 2017 r., Wicepremier Jarosław Gowin podpisał tzw. *request letter* adresowany do Komisji Europejskiej, stanowiący oficjalne wystąpienie polskiego rządu z wnioskiem o członkostwo Polski w EU-OPENSSCREEN ERIC w charakterze członka-założyciela.

Celem Konsorcjum międzynarodowego jest przygotowanie bazy, konstrukcja i eksploatacja pan-europejskiej infrastruktury umożliwiającej tworzenie kolekcji związków chemicznych (przewidywana wielkość centralnej kolekcji 0.5 miliona związków), wysoko-przepustowe badania przesiewowe, chemiczna synteza i optymalizacja metod otrzymywania związków-kandydatów na nowe leki oraz bioprofilowanie i badania *in vivo* tych związków. Przyjmuje się, że stworzona baza będzie otwarta i dostępna dla wszystkich zainteresowanych placówek naukowych, uczelni, jak i przemysłu farmaceutycznego na ustalonych zasadach.

Dalekosiężnym celem Konsorcjum i możliwości stworzonych w ramach infrastruktury EU-OPENSSCREEN jest zapewnienie Europie i uczestniczącym w projekcie krajom czołowej pozycji w obszarze nauk biologicznych i medycznych oraz stymulowanie badań przemysłowych i komercyjnego wykorzystania europejskiego potencjału w obszarze poszukiwań i wprowadzania nowych leków.

Specjalność naukowa: chemia biologiczna

Jednostki tworzące:

Helmholtz-Zentrum Fuer Infektionsforschung Gmbh; Universitetet I Oslo;

Fundacio Priv Ada P Arc Cientific De Barcelona;

Umea Universitet;

Ustav Molekularni Genetiky Akademie Ved Ceske Republiky Verejna, Vyskumna Institute;

European Molecular Biology Laboratory, Established In Meyerhofstrasse 1, Heidelberg;

Helsingin Yliopisto;

Cemm -Forschungszentrum Fuer Molekulare Medizin Gmbh;

Danmarks Tekniske Universitet;

Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk;

Stichting Het Nederlands Kanker Instituut;

Centre National De La Recherche Scientifique;

Hundesministerium Fuer Bildung Und Forschung;

Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz E.V.;

Hermann Von Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentrum Ev.

Krajowe Konsorcja

- **Umowa o utworzeniu konsorcjum naukowego pn. „Polskie Konsorcjum na rzecz terapii borowo-neutronowej” uczelni i jednostek naukowych zainteresowanych badaniami nad upowszechnieniem terapii borowo-neutronowej** zawarta 24 październik 2019.

(Terapia borowo-neutronowa z ang. *Boron Neutron Capture Therapy*, zwana **BNCT** jest metodą leczenia onkologicznego, ze szczególnym uwzględnieniem leczenia nowotworów głowy I szyi oraz mózgu).

Celem konsorcjum jest:

1. Prowadzenie badań podstawowych wspierających aplikację terapii BNCT w Polsce oraz Europie (obejmujących w szczególności prace badawcze nad nowymi nośnikami boru, badania fizykochemiczne tych związków oraz badania biologiczne na liniach komórkowych i małych ssakach oraz badania dozymetryczne, a także mikrodozymetryczne ze szczególnym uwzględnieniem rozkładów przestrzennych dawki głębokiej oraz LET);
2. Opracowanie kryteriów wyboru nośników boru pod kątem:
 - a) toksyczności związków,
 - b) farmakokinetyki,
 - c) odpowiedniego selekcjonowania komórek nowotworowych;
3. Współorganizacja wydarzeń naukowych poświęconych tematyce BNCT;
4. Przedstawienie Polskim organom publicznym projektu stworzenia pierwszego ośrodka terapeutycznego wykorzystującego metodę BNCT w leczeniu onkologicznym.

Działalność Konsorcjum polega w szczególności na podejmowaniu wspólnych przedsięwzięć obejmujących badania naukowe, prace rozwojowe, badania przemysłowe, a także na promocji BNCT w Polsce, poszerzaniu wiedzy w zagadnieniach dotyczących BNCT a przede wszystkim na edukacji i szkoleniach lekarzy.

Jednostki tworzące Konsorcjum:

1. Narodowe Centrum Badań Jądrowych w Otwocku;
2. Instytut Immunologii i terapii Doświadczalnej PAN Wrocławiu;
- 3. Instytut Biologii Medycznej PAN w Łodzi;**
4. Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza w Rzeszowie;
5. Centrum Onkologii w Bydgoszczy im. prof. F. Łukaszczyka;
6. Akademia Górniczo-Hutnicza in. St. Staszica w Krakowie;
7. Instytut Fizyki Jądrowej im. H. Niewodniczańskiego PAN w Krakowie;
8. Uniwersytet Jagielloński w Krakowie;
9. Uniwersytet Humanistyczno-Przyrodniczy im. J. Długosza w Częstochowie;
10. Politechnika Gdańska;
11. Wojskowa Akademia Techniczna w Warszawie;
12. Uniwersytet Medyczny w Łodzi.

- **POL-OPENSREEN (Polish Infrastructure of Open Screening Platforms for Chemical Biology)**

Konsorcjum POL-OPENSREEN koordynowane jest przez Instytut Biologii Medycznej PAN i wchodzi w skład Konsorcjum EU-OPENSREEN.

Celem Konsorcjum jest koordynacja uczestnictwa zainteresowanych polskich placówek badawczych w przygotowaniu bazy, konstrukcji i eksploatacji pan-europejskiej infrastruktury umożliwiającej tworzenie kolekcji związków chemicznych oraz wyspecjalizowane i wysoko-przepustowe badania przesiewowe.

Specjalność naukowa: chemia biologiczna

Jednostki tworzące:

Instytut Biologii Medycznej PAN,
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN,
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN,
Instytut Farmakologii PAN,
Sieć Badawcza Łukasiewicz - Instytut Farmaceutyczny,
Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN.
Sieć Badawcza Łukasiewicz - Instytut Biotechnologii i Antybiotyków
Instytut Genetyki Człowieka PAN

• CENTRUM ZAAWANSOWANYCH TECHNOLOGII „BioTechMed”

Instytut Biologii Medycznej PAN jest członkiem **Konsorcjum**, które uzyskało status **CENTRUM ZAAWANSOWANYCH TECHNOLOGII „BioTechMed”** (koordynatorem jest **Politechnika Łódzka**).

Celem Konsorcjum jest prowadzenie prac badawczo-rozwojowych i badawczo wdrożeniowych ukierunkowanych na opracowanie nowych technologii usług służących ochronie i poprawie zdrowia ludzi i ochronie środowiska.

Jednostki tworzące CZT BioTechMed:**a. naukowe**

Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN,
Instytut Biologii Medycznej PAN,
Instytut Medycyny Pracy im Prof. Dr J. Nofera,
Politechnika Łódzka,
Uniwersytet Łódzki,
Uniwersytet Medyczny,

b. pozostałe

Spółka „Polfarmex” S.A, Kutno,
Przedsiębiorstwo Produkcyjno-Wdrożeniowe „Ifotam” Sp. z o.o. Łódź,
„Pharmena” Sp. z o.o. Łódź,
Ośrodek Badawczo-Produkcyjny Politechniki Łódzkiej „Ichem” Sp. z o.o., Łódź,
Hurtownia Farmaceutyczna „Hurtap” S.A, Łęczyca,
Zakład Enzymów i Peptonów „BTL” Sp. z o.o., Łódź,
Wojewódzki Ośrodek Medycyny Pracy w Łodzi,
Niepubliczny Zakład Opieki Zdrowotnej Centrum Alergologii, Łódź,
Zakład Opieki Zdrowotnej Poradnia Konsultacyjna „Gastro”, Łódź.

• Umowa konsorcjum zawarta w dniu 08 lipca 2020 roku w Łodzi pomiędzy:

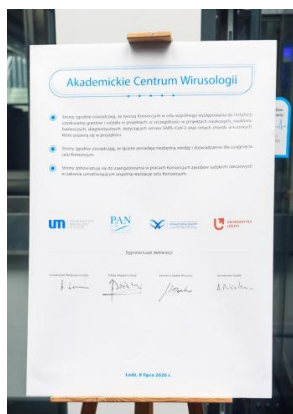
1. **Uniwersytetem Medycznym, Łódź 90-419, Al. Kościuszki 4 – lider Konsorcjum**
2. **Uniwersytetem Łódzkim, Łódź 90-136, ul. G. Narutowicza 68**
3. **Centralnym Szpitalem Klinicznym Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, 920213 Łódź, ul. Pomorska 251**
4. **Instytutem Biologii Medycznej PAN, 93-232 Łódź, ul. Lodowa 106**

Strony powołują Konsorcjum o nazwie „AKADEMICKIE CENTRUM WIRUSOLOGII,, w celu wspólnego występowania do instytucji, uzyskiwania grantów i udziału w projektach dotyczących wirusa SARS-COV-2 oraz innych chorób wirusowych, które pojawią się w przyszłości,

dotyczących w szczególności projektów naukowych, naukowo-badawczych, diagnostycznych, zgodnie z obowiązującymi przepisami prawa krajowego i UE.

Dla zapewnienia efektywności i jakości zadań, Strony powołują Radę Programową Konsorcjum w skład, której wchodzi:

- prof. Lucyna Wozniak, jako przewodnicząca Rady Programowej
- prof. Maciej Borowiec – przedstawiciel UMŁ
- prof. Antoni Różalski – przedstawiciel UŁ
- dr Monika Domarecka – przedstawiciel Szpitala
- prof. Jarosław Dziadek – przedstawiciel Instytutu.



Powołanie Akademickiego Centrum Wirusologii jest efektem współpracy nawiązanej między jednostkami podczas pandemii COVID-19. W związku z sytuacją epidemiologiczną oraz potrzebami diagnostyki zakażeń SARS-CoV-2, Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk wsparł organizację i funkcjonowanie laboratorium diagnostycznego utworzonego w Centrum Kliniczno-Dydaktycznym Uniwersytetu Medycznego w Łodzi.

- **Umowa konsorcjum zawarta w dniu 5 czerwca 2020 roku w Łodzi pomiędzy**
 1. **Instytutem Biologii Medycznej PAN, Łódź, ul. Lodowa 106 (lider),**
 2. **Uniwersytetem Łódzkim, Łódź 90-136, ul. Prez. Gabriela Narutowicza 68 (partner),**
 3. **Uniwersytetem Medycznym, Łódź 90-419, Al. Kościuszki 4 (partner)**w celu wspólnej realizacji projektu pod nazwą „Przebieg choroby COVID-19 w aspekcie odpowiedzi odpornościowej oraz zmienności genetycznej gospodarza i SARS-CoV-2” oraz wspólnego ubiegania się o dofinansowanie Projektu przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu OPUS 19.
- **Umowa o ustanowieniu konsorcjum dla wspólnego wniosku o wniesienie wkładu krajowego na rzecz udziału we wspólnym międzynarodowym programie w zakresie strategicznej infrastruktury badawczej w ramach projektu POL-OPENSREEN, Polska Platforma Infrastruktury Skriningowej dla Chemii Bioorganicznej, jako część konsorcjum europejskiego EU-OPENSREEN-ERIC zawarta w dniu 26 kwietnia 2018 pomiędzy Instytutem Biologii Medycznej PAN z siedzibą w Łodzi, Instytutem Biochemii i Biofizyki PAN z siedzibą w Warszawie, Instytutem Chemii Bioorganicznej PAN z siedzibą w Poznaniu.**

Udział jednostki w pracach innych form zrzeszeń powołanych dla potrzeb wspólnych przedsięwzięć naukowych lub prac rozwojowych

(centra naukowe uczelni, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)

- **AKADEMICKIE CENTRUM WIRUSOLOGII** zostało powołane dnia 8 lipca 2020 roku

Jednostki tworzące Centrum:

- Uniwersytet Medyczny w Łodzi
- Uniwersytet Łódzki
- **Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk**
- Centralny Szpital Kliniczny UM w Łodzi.

Cele Centrum: prowadzenie badań nad SARS-CoV-2 oraz innymi wirusami oraz składanie wspólnych aplikacji o środki na prowadzenie badań naukowych. Pracami Akademickiego Centrum Wirusologii kieruje Rada Programowa, składająca się z przedstawicieli każdego z partnerów. Rada wyznacza strategiczne kierunki działalności Centrum, koordynuje i kontroluje jego pracę, a także dba o optymalny poziom współpracy w ramach konsorcjum.

Powołanie Akademickiego Centrum Wirusologii jest efektem współpracy nawiązanej między jednostkami podczas pandemii COVID-19. W związku z sytuacją epidemiologiczną oraz potrzebami diagnostyki zakażeń SARS-CoV-2, Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk wsparł organizację i funkcjonowanie laboratorium diagnostycznego utworzonego w Centrum Kliniczno-Dydaktycznym Uniwersytetu Medycznego w Łodzi.

- **CENTRUM NAUKOWE pod nazwą: „BIOMED CENTRE LODZ”** zostało utworzone 16 lutego 2012 roku

Jednostki tworzące Centrum:

1. Instytut Medycyny Pracy im. Prof. J. Nofera w Łodzi
2. Instytut Biologii Medycznej Polskiej Akademii Nauk
3. Wydział Nauk Biomedycznych i Kształcenia Podyplomowego Uniwersytetu Medycznego w Łodzi

Cele Centrum

1. Cel Strategiczny to prowadzenie współpracy naukowej i dydaktycznej w obszarze medycyny w kraju i zagranicą,
2. Cel ogólny to stworzenie warunków do powstawania nowych projektów naukowych w oparciu o zaplecze osobowe łódzkiego środowiska naukowego i akademickiego, oraz budowaniu zintegrowanych programów dydaktycznych w medycynie, biotechnologii, farmacji i dziedzinach pokrewnych,
3. Szczegółowymi celami Centrum są:
 - a) Wspieranie współpracy naukowo – dydaktycznej pomiędzy Uniwersytetem Medycznym w Łodzi – Wydział Nauk o Zdrowiu, Wydział Nauk Biomedycznych i Kształcenia Podyplomowego, Instytutem Biologii Medycznej PAN i Instytutem Medycyny Pracy im. Prof. J. Nofera w Łodzi
 - b) Tworzenie warunków do rozwoju i transferu technologii, pobudzania innowacyjności członków Centrum,
 - c) Promocja innowacji i nowych technologii w obszarach: medycyna i zdrowie, biotechnologia, farmacja i nauki pokrewne,
 - d) Stworzenie platformy współpracy dla członków Centrum w celu realizacji wspólnych projektów, w tym w aplikacji o status Krajowego Naukowego Ośrodka Wiodącego,

programów krajowych (Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Narodowego Centrum Nauki, Narodowego Centrum Badań i Rozwoju), programów międzynarodowych, w tym Komisji Europejskiej oraz innych pozyskiwania innych źródeł finansowania dla wspólnych projektów

- e) Zwiększenie konkurencyjności instytucji należących do Centrum w sferze naukowo-dydaktycznej,
- f) Prowadzenie wspólnego programu interdyscyplinarnych, międzywydziałowych studiów doktoranckich wykorzystujących potencjał naukowo-badawczy i dydaktyczny Centrum koncentrujący się w obszarze chorób cywilizacyjnych

INNE FORMY ZRZESZEŃ POWOŁANYCH DLA POTRZEB WSPÓLNYCH PRZEDSIĘWZIĘĆ NAUKOWYCH LUB PRAC ROZWOJOWYCH

(centra naukowe uczelni wyższych, centra naukowo-przemysłowe instytutów badawczych, inne)

- **KONFERENCJA INSTYTUTÓW NAUKOWYCH Łodzi i Województwa Łódzkiego przy Polskiej Akademii Nauk Oddział Łódź (KIN),**

została powołana podczas spotkania łódzkiego środowiska naukowego w dniu 17 października 2014 roku. Głównym założeniem KIN jest działalność na rzecz nauki i edukacji w zgodzie z charakterem działań poszczególnych Instytucji Naukowych.

Do zadań Konferencji należą w szczególności popularyzacja osiągnięć naukowych, wymiana doświadczeń pomiędzy członkami oraz tworzenie właściwej atmosfery dla funkcjonowania Jednostek w Łodzi i województwie łódzkim.

Przewodniczący Konferencji Instytutów Naukowych jest Prof. dr hab. Jarosław Dziadek.

Konferencję Instytutów Naukowych utworzyło 9 Instytucji naukowych skupiających blisko 600 pracowników naukowych. Pracownicy jednostek wchodzących w skład KIN na przełomie 2009-2014 roku opublikowali ponad 1 760 publikacji naukowych z listy filadelfijskiej, 70-ciu naukowców uzyskało stopień doktora a liczba otwartych przewodów doktorskich wynosi 39. Wartość środków uzyskanych na prowadzenie prac badawczych przez Instytuty, w ramach projektów uzyskanych z Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Narodowego Centrum Nauki, Narodowego Centrum Badań i Rozwoju, Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka oraz innych źródeł zewnętrznych to prawie 300 mln zł. Jednostki wchodzące w skład KIN uzyskały łącznie nieomal 100 patentów krajowych jak i międzynarodowych.

Podczas inauguracyjnego posiedzenia ustalono główne cele oraz strukturę Konferencji Instytutów Naukowych, którą utworzyły:

- **Polska Akademia Nauk Oddział w Łodzi**, której Prezesem jest Prof. dr hab. Aleksander Welfe, członek korespondent PAN. Oddział PAN w Łodzi jest siedzibą Biura Konferencji; (www.lodz.pan.pl)

- **Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN**

CBMiM prowadzi badania podstawowe z dziedziny chemii organicznej, chemii bioorganicznej oraz chemii i fizyki polimerów, ze szczególnym naciskiem na rozwijanie zaawansowanych materiałów nisko- oraz wysokocząsteczkowych. (www.cbmm.lodz.pl)

- **Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii PAN**

ERCE PAN zajmuje się eksperymentalnymi oraz teoretycznymi badaniami naukowymi w zakresie rozwoju ekohydrologii oraz wdrażaniu jej w celu odnowy zasobów wodnych w ramach Międzynarodowego Programu Hydrologicznego UNESCO. (www.erce.unesco.lodz.pl)

- **Instytut Biologii Medycznej PAN**

IBM PAN prowadzi badania naukowe w zakresie nauk biomedycznych skupionych na wyjaśnieniu podstawowych mechanizmów molekularnych procesów fizjologicznych i patofizjologicznych oraz biotechnologii medycznej. (www.ibmpan.pl)

- **Instytut Biopolimerów i Włókien Chemicznych.**

IBWCh zajmuje się prowadzeniem badań naukowych i prac rozwojowych oraz przystosowywaniem ich wyników do wdrażania w praktyce w zakresie przetwarzania, modyfikacji i zastosowania biopolimerów, technik i technologii wytwarzania, przetwarzania i zastosowania włókien chemicznych i innych materiałów polimerowych oraz produktów pokrewnych, a także technik i technologii związanych z wytwarzaniem, przetwarzaniem i oceną jakościową wyrobów przemysłu celulozowo-papierniczego i branż pokrewnych. (www.ibwch.lodz.pl)

- **Instytut Centrum Zdrowia Matki Polki w Łodzi**

ICZMP w Łodzi jest jednym z największych wysokospecjalistycznych ośrodków medycznych w Polsce, która złożona jest z części: Ginekologiczno-Położniczej oraz Pediatrycznej. Placówka jest ośrodkiem referencyjnym perinatologicznym, ginekologicznym i pediatrycznym. Ze względu na swój wielodyscyplinarny charakter, zapewnia wszechstronną opiekę nad kobietami w ciąży powikłanej cukrzycą, nadciśnieniem tętniczym, padaczką, chorobami serca, czy infekcjami. W Instytucie diagnozowane i leczone są najtrudniejsze przypadki patologii ginekologicznych. (www.iczmp.edu.pl)

- **Instytut Medycyny Pracy im. prof. Jerzego Nofera w Łodzi**

Instytut jest placówką naukowo-badawczą zajmującą się problematyką zdrowia publicznego, zdrowia środowiskowego oraz wszelkimi dziedzinami powiązanymi z szeroko rozumianą medycyną pracy. Celem placówki jest zapewnienie najwyższej jakości rozwiązania prowadzące do stworzenia lepszych warunków do życia i prac. IMP to wiodący w kraju ośrodek szkolenia kadr specjalistów medycyny. (www.imp.lodz.pl)

- **Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach**

Instytut jest ośrodkiem badawczym, w skład, którego wchodzi cztery działy: sadownictwo, warzywnictwo i rośliny ozdobne z siedzibą w Skierniewicach, oraz dział pszczelnictwa mieszczący się w Puławach. Działalność Instytutu stanowią zagadnienia związane z produkcją ogrodniczą, począwszy od badań nad biologicznymi podstawami produkcji owoców, warzyw i roślin ozdobnych, poprzez biotechnologię, genetykę i hodowle twórczą roślin ogrodniczych. (www.inhort.pl)

- **Instytut Włókiennictwa**

IW posiada sześć laboratoriów realizujących szeroki zakres badań w zakresie analiz chemicznych i instrumentalnych, badań ekologiczności wyrobów, badań właściwości fizyko-mechanicznych, użytkowych i fizjologicznych, surowców i wyrobów włókienniczych o przeznaczeniu tradycyjnym i specjalnym oraz 4 Zakłady Naukowe specjalizujące się w interdyscyplinarnych badaniach w obszarze inżynierii materiałowej, inżynierii środowiska, mikro- i nanotechnologii, chemii włókienniczej oraz technologii włókienniczych.; (www.iw.lodz.pl)

- **Ośrodek Badań nad Dawnymi Technologiami Instytutu Archeologii i Etnologii**

PAN

Ośrodek ma charakter interdyscyplinarny, jego pracownikami oprócz archeologów są historycy i etnologowie. Centrala IAiE PAN mieści się w Warszawie, w Łodzi znajdują się dwa zespoły badawcze: Zespół Badań Dawnego Uzbrojenia, oraz Zespół Badań nad Dawnym Włókiennictwem. (www.iaepan.edu.pl)



Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi

Instytut Biologii Medycznej PAN wraz z Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN i Uniwersytetem Łódzkim utworzył i współprowadzi, począwszy od roku akademickiego 2019/2020, **Szkołę Doktorską BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi**, realizującą kształcenie w dyscyplinach: nauki biologiczne, nauki medyczne oraz nauki chemiczne. Liderem Szkoły jest Uniwersytet Łódzki.

Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi zapewnia możliwość przygotowania rozprawy doktorskiej w następujących dyscyplinach:

- **nauki biologiczne**
- **nauki medyczne**
- **nauki chemiczne**

Szkoła Doktorska BioMedChem z założenia jest szkołą interdyscyplinarną i ma unikalną ofertę programową. W Szkole kształcą się doktoranci w trzech dyscyplinach, przy czym wiedza zdobywana w zakresie wybranej dyscypliny będzie pozostawać w ścisłym związku z pozostałymi. Doktorant deklaruje w procesie rekrutacji dyscyplinę naukową, w której będzie się rozwijał i przygotowuje rozprawę doktorską. Wspólne zajęcia seminaryjne będą stanowiły platformę do poszerzania wiedzy w tych trzech obszarach, dotychczas uważanych często za odrębne. Jest to cenne uzupełnienie zdobywanej wiedzy, prowadzące do lepszego i pełniejszego rozumienia procesów i zjawisk biegnących na styku przyrody ożywionej i jej otoczenia. Podmioty tworzące Szkołę umożliwią korzystanie z ich wyposażenia badawczego i prowadzenie badań pod kierunkiem cieszących się światową renomą uczonych.

Studia trwają osiem semestrów. Prowadzone są w formie stacjonarnej (zajęcia odbywają się w dni robocze) i są nieodpłatne.

Siedzibą Szkoły jest Wydział Biologii i Ochrony Środowiska UŁ mieszczący się przy ul. Banacha 12/16 w Łodzi.

W skład Rady Szkoły Doktorskiej BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi wchodzi:

1. Dr hab. Katarzyna Dzitko, prof. UŁ - Dyrektor Szkoły; Przewodniczący Rady Szkoły;
2. Dr hab. Paweł Stączek, prof. UŁ- Przedstawiciel Rady Szkoły w dyscyplinie nauki biologiczne;
3. Dr hab. Łukasz Pułaski, prof. UŁ Przedstawiciel Rady Szkoły w dyscyplinie nauki biologiczne;
4. **Prof. dr hab. Jarosław Dziadek - Dyrektor IBM PAN, Przedstawiciel Rady Szkoły w dyscyplinie nauki medyczne IBM PAN;**

5. **Dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN - Przedstawiciel Rady Szkoły w dyscyplinie nauki medyczne;**
6. Dr hab. Arkadiusz Chworoś, prof. CBMM PAN - Przedstawiciel Rady Szkoły w dyscyplinie nauki chemiczne CBMM PAN;
7. Dr hab. Piotr Guga, prof. CBMM PAN- Przedstawiciel Rady Szkoły w dyscyplinie nauki chemiczne CBMM PAN;
8. Mgr Adrian Bekier - Doktorant Członek Rady Szkoły w dyscyplinie nauki biologiczne UŁ Delegowany przez Samorząd Doktorantów
9. Mgr Paulina Rusek UŁ- Doktorant Członek Rady Szkoły w dyscyplinie nauki biologiczne UŁ Delegowany przez Samorząd Doktorantów.

Limit rekrutacji do Szkoły Doktorskiej *BioMedChem* na roku akademicki wynosi 12 osób.

Limity dla poszczególnych dyscyplin:

Nauki biologiczne - 6 osób;

Nauki medyczne - 3 osoby;

Nauki chemiczne - 3 osoby.

W Szkole Doktorskiej *BioMedChem* Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi w latach akademickich 2018/2019; 2019/2020 oraz 2020/2021 kształciło się i otrzymywało refundowane przez IBM PAN stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 209 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, siedmiu doktorantów związanych z Instytutem Biologii Medycznej PAN:

Liczba doktorantów szkoły doktorskiej w Instytucie Biologii Medycznej PAN (w podziale na płeć doktorantów):				Liczba doktorantów pobierających stypendia:	
Liczba doktorantów szkoły doktorskiej - ogółem 7 osób – nauki medyczne		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym (2021) 2 - osoby nauki medyczne		Ogółem	w tym: otrzymujący stypendium doktoranckie, o którym mowa w art. 209 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce
K*	M*	K*	M		
5	2	2	0	7	7
Lidia Żukowska Daria Haręża Agnieszka Knast Daria Zygała Leila Khani Khouazani	Filip Gąsior Krzysztof Śmiałkowski	Daria Zygała Leila Khani Khouazani			Lidia Żukowska Daria Haręża Agnieszka Knast Daria Zygała Leila Khani Khouazani Filip Gąsior Krzysztof Śmiałkowski

* w podziale na podmioty tworzące szkołę

Bliższe informacje o doktorantach szkół doktorskich niebędących obywatelami polskimi, zwanymi dalej „cudzoziemcami”

**Szkoła Doktorska BioMedChem
Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi**

Instytut Biologii Medycznej PAN			
Liczba cudzoziemców - ogółem 1 osoba		w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym 1 osoba	
Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*	Kraj pochodzenia	Liczba cudzoziemców*
1) Islamska Republika Iranu1.....	1) Islamska Republika Iranu1.....

* w podziale na podmioty tworzące szkołę

SPECJALNE URZĄDZENIE BADAWCZE

pn.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu”

Rozliczenie środków finansowych na utrzymanie SPUB w latach 2020-2021 z dotacji przyznanej Nr 41/E-621/SPUB/SP/2020 z dnia 23 grudnia 2020 roku w kwocie: 530 500,00 zł

Termin rozpoczęcia realizacji 2020-12-23

Termin zakończenia realizacji 2021-12-31

Informacja o wydatkach poniesionych na utrzymanie aparatury lub infrastruktury w latach 2020-2021

Instytut Biologii Medycznej PAN jest wiodącą jednostką naukową w Polsce, prowadząca badania w zakresie mikrobiologii molekularnej. Badania podstawowe (dotyczące m.in. mechanizmów zakażeń i wirulencji) prowadzone są z zastosowaniem nowoczesnych technik biologii molekularnej i oryginalnych metod badawczych, w tym unikalnych w skali światowej technik rekombinacyjnych i nowo rozwijanych technik diagnostyczno-epidemiologicznych. Instytut prowadzi szeroko zakrojone badania w dziedzinie nauk medycznych nad epidemiologią, biochemią i genetyką patogenów.

W ramach specjalnego urzędnia badawczego pn.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu”, Instytut posiada unikatową kolekcję rekombinowanych linii komórkowych, kolekcję rekombinowanych szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, która jest systematycznie w każdym roku rozwijana i rozbudowywana. Specjalne urządzenie badawcze w postaci biblioteki rekombinowanych linii reporterowych, rekombinowanych szczepów bakteryjnych oraz szczepów wirusowych wymaga bieżącej weryfikacji i kontroli poprzez hodowlę i analizę genetyczną.

Specjalne urządzenie badawcze pn.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” wymaga bieżącej weryfikacji i kontroli oraz konserwacji i napraw.

Przyznane środki	
Rok	Kwota
2020	530 500,00
2021	0,00
Razem	530 500,00

Rozliczenie finansowe							
		Rok 2020		Rok 2021		Razem	
		Planowane	Poniesione	Planowane	Poniesione	Planowane	Poniesione
Koszty w ramach środków Ministra przyznanych decyzją	Razem	530 500,00	1 189,27	0,00	529 310,73	530 500,00	530 500,00
	Koszty bezpośrednie, w tym	530 500,00	1 189,27	0,00	529 310,73	530 500,00	530 500,00
	Wynagrodzenia osób zatrudnionych w celu utrzymania aparatury/stanowisk a lub infrastruktury w gotowości do prowadzenia badań naukowych lub prac rozwojowych	22 500,00	0,00	0,00	22 131,51	22 500,00	22 131,51
	Materiały i przedmioty nietrwałe	377 000,00	1 189,27	0,00	421 019,16	377 000,00	422 208,43
	Konserwacja i naprawy	120 000,00	0,00	0,00	72 465,31	120 000,00	72 465,31
	Inne	11 000,00	0,00	0,00	13 694,75	11 000,00	13 694,75
	Koszty pośrednie	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Pozostałe środki	Środki własne przeznaczone na realizację projektu	0,00	0,00	0,00	51,60	0,00	51,60
	Inne	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
	Środki z zagranicy przeznaczone na realizację projektu	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Razem		530 500,00	1 189,27	0,00	529 362,33	530 500,00	530 551,60
Środki niewykorzystane		529 310,73		0,00		0,00	

Środki niepobrane	0,00
Środki niewykorzystane, przekazane na rachunek Ministerstwa	0,00
Kwota VAT przekazana na rachunek Ministerstwa	0,00
Kwoty odsetek od zwrotu po terminie przekazane na rachunek Ministerstwa	0,00
Kwoty odsetek bankowych przekazane na rachunek Ministerstwa	0,00
Kwoty kar umownych przekazane na rachunek Ministerstwa	0,00

Opiekę merytoryczną nad specjalnym urządzeniem badawczym IBM PAN pełnią:
dr hab. Anna Brzostek, prof. IBM PAN; dr hab. Joanna Boncela, prof. IBM PAN;
dr hab. Edyta Paradowska, prof. IBM PAN i dr hab. Marcin Ratajewski, prof. IBM PAN.
Liczba osób zatrudnionych w celu utrzymania specjalnego urządzenia w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy wynosi 0,3 etatu.

Wykaz aparatury naprawionej w ramach Dec. Ministra Edukacji i Nauki Nr 41/E-621/SPUB/SP/2020, wykorzystywanej na potrzeby specjalnego urządzenia badawczego pn.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu ” w latach 2020-2021

ST-580	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD THERMO/HOLTEN
ST-581	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD THERMO/HOLTEN
ST-576	INKUBATOR DUŻY, CO2 Z WYPOSAŻENIEM THERMO/FORMA
ST-710	SYSTEM DO OCZYSZCZANIA WODY MILLI-Q INTEGRAL-5
ST-627	KOMORA LAMINARNA HS KS 12
ST-754	APARAT DO ILOŚCIOWEJ DETEKCJI AMPLIFIKACJI KWASÓW NUKLEINOWYCH APPLIED BIOSYSTEMS
ST-812	ZAMRAŻARKA GŁĘBOKIEGO ZAMROŻENIA
ST-640	INKUBATOR CO2 model Biolab typ 190S
ST-677	AUTOMATYCZNY SYSTEM DO ANALIZ POLIMORFIZMÓW I MUTACJI 3500 GENETIC ANALYZER
186/AS/IBM	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD
ST-451	KOMORA LAMINARNA II KLASY FORMA SCIENTIFIC
ST-689	ZAMRAŻARKA NISKOTEMPERATUROWA, SZAFOWA FORMA 991
ST-878	WIRÓWKA (5810R)
ST-529	ZAMRAŻARKA -80 C model PLATINIUM 500
ST-096	APARAT DO UZDATNIANIA WODY MILII R10 10 PLUS
ST- 223	ULTRAWIRÓWKA OPTIMA L-80
ST-887	SYSTEM OCZYSZCZANIA WODY

Zadania zawiązane z utrzymaniem stanowiska badawczego p.n.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” ujęte we wniosku ID 457533 i finansowane na podstawie decyzji Nr 41/E-621/SPUB/SP/2020 z dnia 23 grudnia 2020 zostały w pełni wykonane.

Środki finansowe przyznane na utrzymanie specjalnego urządzenia badawczego pn. „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” (Dec. nr. 41/E/621/SPUB/SP/2020) zostały wykorzystane w pełnej wysokości i zgodnie z przeznaczeniem. Różnice między kwotami planowanymi a wydanymi i konieczność dokonania przesunięć między kategoriami kosztów, wynikają ze zmian cen rynkowych materiałów i usług w stosunków do planowanych oraz nieprzewidywalnością koniecznych napraw urządzeń. Zmniejszenie wydatków poniesionych na wynagrodzenia jest związane ze zwolnieniami lekarskimi pracowników zajmujących się utrzymaniem specjalnego urządzenia badawczego.

Opis wykonanych zadań

W ramach SPUB Instytut Biologii Medycznej PAN posiada unikatową kolekcję linii komórkowych, rekombinowanych szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów. Kolekcja ta wykorzystywana jest w wielośrodkowych badaniach nad mechanizmami przekazywania sygnału w komórkach tucznych oraz w prątkach gruźlicy, w badaniach, mających na celu wyjaśnianie mechanizmów różnych procesów fizjologicznych (tj. podziały komórkowe, naprawy DNA,

replikacja DNA, mechanizmy regulacji podstawowych procesów życiowych) i patofizjologicznych na poziomie molekularnym, a także identyfikację nowych tarcz terapeutycznych i podejść diagnostycznych.

Rekombinowane, reporterowe linie komórkowe, przygotowane, zabezpieczone i ulepszone w ramach SPUB służą m.in. do zwalidowanych, przesiewowych analiz cytotoksyczności, genotoksyczności i immunotoksyczności związków gromadzonych w ramach realizacji zadań badawczych oraz projektów badawczych realizowanych w Instytucie. Rekombinowane szczepy bakteryjne, wraz z unikatową kolekcją ukierunkowanych mutantów *Mycobacterium tuberculosis* oraz kolekcją szczepów wirusowych tworzących specjalne urządzenie badawcze służą do przesiewowych analiz związków o potencjalnej aktywności przeciwbakteryjnej, w tym przeciwprątkowej, a także przeciwwirusowej realizowanych w ramach Laboratorium przesiewowego bakteriologii-wirusologii POL-OPENSREEN.

1. Kolekcje szczepów i plazmidów

Instytut Biologii Medycznej PAN posiada unikalną na świecie kolekcję rekombinowanych szczepów *Mycobacterium smegmatis* oraz *Mycobacterium tuberculosis* uzyskanych poprzez ukierunkowaną rekombinację wg załączonej listy.

MUTANTY skonstruowane w Pracowni Genetyki i Fizjologii *Mycobacterium*

Szczep	Genotyp (Δ)	DCO/SCO essential? (-/+)	Sztok Southern (+/-)
1- szczepy mutanty ku-ligD-recA			
<i>M. smegmatis</i> 1.1	Δ ligD	DCO / -	(+)
1.2	Δ ligD-Pami-ligDms		Km
1.3	Δ ku	DCO / -	(+)
1.4	Δ ku-Pami-ku-ms		Km
1.5	Δ recA	DCO / -	(+)
1.6	Δ ligD- Δ ku	DCO / -	(+)
1.7	Δ ligD- Δ recA	DCO / -	(+)
1.8	Δ ku- Δ recA	DCO / -	(+)
1.9	Δ ligD- Δ ku- Δ recA	DCO / -	(+)
1.10	Δ recBCD	DCO / -	(+)
1.11	Δ ligD- Δ ku- Δ recBCD	DCO / -	(+)
1.12	Δ recBCD- Δ recA	DCO / -	(-)
1.13	Δ ku-Pami-ku-S.cel		Hyg (-)
1.14	Δ ligD-Pami-lig-DS.cel		Hyg (-)
1.15	Δ ku- Δ recA-Pami-ku-ms		Km (-)
1.16	Δ ligD- Δ recA-Pami-ligDms		Km (-)
1.17	Δ ligD- Δ ku- Δ recBCD- Δ recA	DCO/-	(-)
2- szczepy mutanty ligC1-ligC2-P2-dnaE			
2.1	Δ ligC1	DCO / -	(+)
2.2	Δ ligC1- Δ ligC2	DCO / -	(+)
2.3	Δ prim2 (P2)	DCO / -	(+)
2.4	Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2 (P2)	DCO / -	(+)
2.5	Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2 (P2)- Δ ligD- Δ ku	DCO	(+)
2.6	Δ ligC1- Δ ligC2- Δ recA	DCO / -	(+)
2.7	Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2(P2)- Δ recA	DCO / -	(+)
2.8	Δ ligC1- Δ ligC2- Δ Ku- Δ ligD	DCO/-	
2.9	MsPrim2-JAM	pl	
2.10	MsPrim2-MVhyg	pl	
2.11	Δ ligD/Prim2Pami		
2.12	Δ ligD/ligC1Pami		
2.13	Δ ligD/ligC2Pami		
2.14	Δ Ku- Δ ligD Δ Prim2		
2.15	Δ Ku- Δ ligD Δ ligC1		
2.16	Δ Ku- Δ ligC1 Δ ligC2		

2.17	Δ ligD Δ ligC1 Δ ligC2			
2.18	Δ ligC1- Δ ligC2/Prim2MVhyg			
2.19	Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2 (P2)/ Prim2-MVHyg			
2.20	Δ Ku- Δ ligD Δ ligC1 Δ ligC2/Prim2-MVhyg			
2.21	Δ Ku- Δ ligD Δ ligC1 Δ ligC2 Δ prim2 (P2)/Prim2-MVhyg			
2.22	Δ dnaE2	DCO / -		(+)
2.23	Δ (dnaE2, prim2)	DCO / -		(+)
2.24	Δ (dnaE2, prim1, prim2)	DCO / -		(+)
2.25	Δ (dnaE2, prim1, prim2, prim3)	DCO / -		(+)
3- szczepy mutanty ligA				
3.1	ligA Δ ligA	SCO / +	Km/Hyg	(+)
3.2	Δ ligA-PamiligAms	DCO	Hyg	(+)
3.2A	Δ ligA-PtetligAms	DCO	Tet	(+)
3.3	Δ ligA-PamiligAtb	DCO	Hyg	(+)
3.4	Δ ligA-PamiligAec	DCO	Hyg	(+)
3.5	Δ ligA-PamiligT4	DCO	Hyg	(+)
3.6	ligA Δ ligA -PamiligBms	SCO	Gm-Km	(+)
3.7	ligA Δ ligA -PamiligC1ms	SCO	Gm-Km	(+)
3.8	ligA Δ ligA -PamiligC2ms	SCO	Gm-Km	(+)
3.9	ligA Δ ligA -PamiligDms	SCO	Gm-Km	(+)
3.10	Δ ligA -PamiligA1str	DCO	Hyg	(+)
3.11	ligA Δ ligA -PamiligA2str	SCO	Hyg-Km	(+)
3.12	Δ ligA-PamiligBstr	DCO	Hyg	(+)
3.13	Δ ligA-PamiligAms Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim3(P2)	DCO	Hyg	
3.14	Δ ligA-PamiligAms Δ prim2 - Δ prim3- Δ ligC1- Δ ligC2	DCO / -		
3.15	Δ ligA-PamiligAms Δ prim2- Δ prim3- Δ ligC1- Δ ligC2- Δ ligB	DCO/-		
3.16	Δ ligA-PamiligT4- Δ ligB	DCO/-		
3.17	Δ ligA-PamiligT4- Δ ligB- Δ ligD	DCO/-		
3.18	Δ ligA-PamiligBstr- Δ ligB- Δ ligD- Δ ku - Δ ligC1- Δ ligC2	DCO/-		
3.19	Δ ligA-PamiligT4- Δ ligB- Δ ligD- Δ ku	DCO/-		
3.20	Δ ligA-PamiligT4- Δ ligB- Δ ligD- Δ ku - Δ ligC1- Δ ligC2	DCO/-		
3.21	MsligA-pSE100	pl		
3.22	MsligA-pSE100+represor	pl		
3.23	SCOlignA/ligApSE100+represor			
3.24	Δ ligD- Δ ku/ligDbsPami			
3.25	<i>TBligA-Jam</i>	pl		
3.26	<i>TBligA-MVHyg</i>	pl		
4- szczepy mutanty disA-radA i inne z napraw DNA M. smegmatis				
<i>M. smegmatis</i>	4.1	Δ disA	DCO/-	(+)
	4.2	Δ radA	DCO / -	(+)
	4.3	Δ disA- Δ radA	DCO / -	(+)
	4.3	Δ disA- Δ recA	DCO / -	(+)
	4.5	Δ radA- Δ recA	DCO/-	(+)
	4.6	Δ disA- Δ radA- Δ recA	DCO/-	(+)
	4.7	Δ radA- Δ recBCD	DCO/-	(+)
	4.8	Δ (α DnaN, DisA)	DCO/-	(+)
	4.9	Δ (α DnaN, RadA)	DCO/-	(+)
	4.10	Δ (α DnaN, RecA)	DCO/-	(+)
	4.11	Δ (α DnaN, RadA, RecA)	DCO/-	(+)
	4.12	Δ (α DnaN, RadA, DisA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, DisA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, DisA, RecA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, RadA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, RecA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, RadA, RecA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, RadA, DisA)	DCO/-	(+)
		Δ (mCherryDnaN, DisA)::Msmeg _{prom} RecADisAHaloTaqMv306Km	kompl	
		Δ (mCherryDnaN, DisA, RecA)::Msmeg _{prom} RecADisAHaloTaqMv306Km	kompl	

	$\Delta(mCherryDnaN, RadA, DisA)$::Msmeg _{prom} RecADisAHaloTaqMv306Km		kompl	
	$\Delta(mCherryDnaN, RadA)$::Msmeg _{prom} RecARadAHaloTaqMv306Km		kompl	
	$\Delta(mCherryDnaN, RadA,$ RecA)::Msmeg _{prom} RecARadAHaloTaqMv306Km		kompl	
	$\Delta(mCherryDnaN, RadA, DisA)$::Msmeg _{prom} RecARadAHaloTaqMv306Km		kompl	
	(pLJR962)- CRISPR kontrola			
	<i>M. smegmatis</i> - <i>msmeg_1891</i> CRISPR medium			
	<i>msmeg_1891</i> CRISPR weak			
	$\Delta(KuD)$:: CRISPR <i>msmeg_1891</i>			
	$\Delta(RecBCD)$:: CRISPR <i>msmeg_1891</i>			
	$\Delta(RecBCD, RadA)$:: CRISPR <i>msmeg_1891</i>			
	$\Delta(KuD, RecBCD)$:: CRISPR <i>msmeg_1891</i>			
	$\Delta(RecBCD, RecA, KuD)$:: CRISPR <i>msmeg_1891</i>			
	<i>Msmeg</i> Δ RecR		DCO	(+)
	<i>Msmeg</i> Δ AdnAB		DCO	(+)
	<i>Msmeg</i> Δ EndoIV		DCO	(+)
	<i>Msmeg</i> Δ (EndoIV, SRAP- <i>msmeg_1891</i>)		DCO	(+)
	<i>Msmeg</i> Δ SRAP- <i>msmeg_1891</i>		DCO	(+)
	<i>Msmeg</i> Δ RecR::attbMV306Gm-Km_DR		Komplementacja długie dystanse	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recA$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	krótkie dystanse 200bp
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta radA$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta disA$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recBCD$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(radA, recA)$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, recA)$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, radA)$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(recBCD, recA)$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(recBCD, radA)$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recR$	pMV306Km(+200bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	mc2	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	krótkie dystanse 100bp
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recA$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta radA$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta disA$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recBCD$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(radA, recA)$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, recA)$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, radA)$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(recBCD, recA)$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(recBCD, radA)$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recR$	pMV306Km(+100bp+DR)+Gm	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	mc ²	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recA$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta radA$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta disA$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recBCD$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(radA, recA)$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, recA)$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, radA)$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(recBCD, recA)$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	

<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(recBCD, radA)$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recR$	pMV306Km(Gm+DR)	Gm	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	mc ²	pMV306Km(Hyg+DR)	Hyg	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta recA$	pMV306Km(Hyg+DR)	Hyg	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta radA$	pMV306Km(Hyg+DR)	Hyg	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta disA$	pMV306Km(Hyg+DR)	Hyg	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, recA)$	pMV306Km(Hyg+DR)	Hyg	
<i>M. smegmatis</i> mc ²	$\Delta(disA, radA)$	pMV306Km(Hyg+DR)	Hyg	
			DCO	(+)
	$\Delta(recA, msmeg_1891(SRAP))$		DCO	PCR+
	$\Delta(ku, msmeg_1891(SRAP))$		DCO	PCR+
	$\Delta(ku, ligD, ligC1, ligC2, prm2, msmeg_1891(SRAP))$		DCO	PCR+
	$\Delta(ligD, msmeg_1891(SRAP))$		DCO	PCR+
	$\Delta(ligC1, ligC2, prm2, msmeg_1891(SRAP))$		DCO	PCR+
	$\Delta msmeg_1891(SRAP)$		DCO	(+)
<i>M. tuberculosis</i> naprawy DNA	$\Delta RadA$ (Rv)		DCO	
	$\Delta DisA$ /pfas2MvGm		Kompl., Gm	
	$\Delta DisA$		DCO-	
	$\Delta(Ku, ligD)$ Rv		DCO	
	$\Delta(Ku, ligD, RecA)$ HYG (Rv)		DCO	
	$\Delta RecA$ HYG (Rv)		DCO	
	$\Delta(Ku, ligD)$ -TBKu _{ligD}		Kompl., Km	
	$\Delta(Ku, ligD, RecA)$ HYG (Rv)-TBrecA		Kompl., Km	
	$\Delta(Ku, ligD, RecA)$ HYG (Rv)-MsrecA		Kompl., Km	
	$\Delta(Ku, ligD, RecA)$ HYG (Rv):TB _{pna} Ku _{ligD}		Kompl., Km	
	$\Delta RecA$ HYG (Rv):TB _{pna} RecA		Kompl., Km	
	$\Delta RecA$ HYG (Rv):Ms _{pami} RecA		Kompl., Km	
	$\Delta RadA$ (Rv):TB _{pnet} RadA (pLR52)		Kompl., Hyg	
	$\Delta(Ku, ligD, RadA)$		DCO/-	
	$\Delta rpoB$		DCO/+ Km, Gm	(+)
	$\Delta rv3226c$ (SRAP)		DCO/-	(+)
5- szczepy mutanty prim 1- 4				
5.1	$\Delta prim3$		DCO / -	
5.2	$\Delta prim3$ - $\Delta ligD$		DCO / -	
5.3	$\Delta prim3$ - $\Delta ligD$ - Δku		DCO / -	
5.4	$\Delta prim3$ - $\Delta ligC1$ - $\Delta ligC2$ - $\Delta prim2$		DCO / -	
5.5	$\Delta prim3$ - $\Delta ligC1$ - $\Delta ligC2$ - $\Delta prim2$ - $\Delta ligD$ - Δku		DCO / -	
5.6	$\Delta ligC1$ - $\Delta ligC2$ - $\Delta ligD$		DCO / -	
5.7	$\Delta ligC1$ - $\Delta ligC2$ - Δku		DCO / -	
5.8	$\Delta prim4$		DCO / -	
5.9	$\Delta prim3$ $\Delta prim4$		DCO / -	
5.10	$\Delta prim3$ $\Delta prim4$ $\Delta ligD$		DCO / -	
5.11	$\Delta prim3$ $\Delta prim4$ $\Delta ligD$ Δku		DCO / -	
5.12	$\Delta prim3$ - $\Delta prim4$ - $\Delta ligC1$ - $\Delta ligC2$ - $\Delta prim2$		DCO / -	
5.13	$\Delta prim3$ - $\Delta prim4$ - $\Delta ligC1$ - $\Delta ligC2$ - $\Delta prim2$ $\Delta ligD$ Δku		DCO / -	
5.14	$\Delta prim2$ - $\Delta prim3$ - $\Delta prim4$ - $\Delta ligD$		DCO/-	(+)
5.15	$\Delta prim2$ - $\Delta ligD$		DCO/-	
5.16	$\Delta prim2$ - $\Delta prim3$ - $\Delta ligD$		DCO/-	
5.17	$\Delta dnaG$ -PamidnaGms		DCO/+	(+)
5.18	$\Delta dnaG$ -PamidnaGmt		DCO/+	(+)
5.21	ΔKu $\Delta ligD$ / Prim2MVhyg			
5.22	$\Delta ligC1$ $\Delta ligC2$ /ligC1Pami			
5.23	ΔKu $\Delta ligD$ $\Delta prim2$ $\Delta ligC1$ $\Delta ligC2$ / ligC1Pami			
5.24	$\Delta prim2$ $\Delta ligC1$ $\Delta ligC2$ / ligC1Pami			
5.25	$\Delta prim2$ $\Delta ligC1$ $\Delta ligC2$ / Prim2Pami			
5.26	ΔKu $\Delta ligD$ $\Delta prim2$ $\Delta ligC1$ $\Delta ligC2$ / Prim2Pami			
5.27	Msmeg/Prim2MVhyg			
5.28	ΔKu $\Delta ligD$ $\Delta prim2$ $\Delta ligC1$ $\Delta ligC2$ / Prim2Pami			

5.29	Δ Prim2 Δ ligC1 Δ ligC2/ligC1ligC2Prim2MVkm		
5.30	Δ Prim2 Δ ligC1 Δ ligC2/ ligC2Prim2MVkm		
5.31	Δ Ku Δ ligD Δ prim2 Δ ligC1 Δ ligC2/ ligC2Prim2MVkm		
5.32	Δ Ku Δ ligD Δ prim2 Δ ligC1 Δ ligC2/ ligC1ligC2Prim2MVkm		
5.33	Δ ligC1 Δ ligC2/ ligC1ligC2Prim2MVkm		
5.34	Δ ligC1 Δ ligC2/ ligC2Prim2MVkm		
5.35	Δ Ku Δ ligD Δ ligC1 Δ ligC2 / ligC2Prim2MVkm		
5.36	Δ Ku Δ ligD Δ ligC1 Δ ligC2 / ligC1 ligC2Prim2MVkm		
6- szczepy mutanty ligB; LigD i Prim2			
6.1	Δ ligB	DCO	
6.2	Δ ligB Δ ligA-PamiligAms	DCO	
6.3	Δ ligB Δ ligA-PamiligAms Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2	DCO	
6.4	Δ ligB- Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2 Δ prim3-	DCO	
6.5	Δ ligB- Δ ligC1- Δ ligC2- Δ prim2 Δ prim3- Δ ligD Δ ku	DCO	
6.6	Δ ligB- Δ ligC1- Δ ligC2- Δ ligD- Δ ku	DCO	
6.7	Δ ligB- Δ ligC1- Δ ligC2- Δ ligD- Δ ku-PamiT4	DCO/Hyg	
6.8	Δ ligB- Δ ligC1- Δ ligC2- Δ ligD- Δ ku PamiligBstr	DCO/Hyg	
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2Y74A		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2R224A/R239A		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2F93H/P94R/R97/W219		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2K324A		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2N321A		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2N321L/K324A		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2R1		
Ms	Δ ligDPr2:PamiPr2R2		
7- szczepy mutanty cholesterol			
<i>M. smegmatis</i>	7.1 Δ choD	DCO / -	(+)
	7.2 Δ hsdD	DCO / -	(+)
	7.3 Δ ksdD- Δ choD	DCO / -	(+)
	7.4 Δ ksdD1 Δ ksdD2	DCO / -	(+)
	7.5 Δ ksdD2	DCO / -	(+)
	7.6 Δ ksdD1-PhspHSDTB		
	7.7 Δ ksdD1-PhspChoTB		
	7.8 Δ ksdD1-PhspKsdDTB		
	7.9 Δ ksdD1 Δ ksdD2-Phsp-ksdDtb		Km
	7.10 Δ ksdD1 Δ ksdD2-Phsp-choDtb		Km
	7.11 Δ ksdD1 Δ ksdD2-Phsp-hsdDtb		
	7.12 Δ ksdD1 Δ ksdD2- Phsp-ksdD2tb		
	7.13 Δ ksdD1- Phsp-ksdD2tb		
	7.14 Δ ksdD1-PamiksdD2ms		Km
	7.15 Δ ksdD1 Δ ksdD2-PamichoMs		
	7.16 Δ ech19	DCO / -	(+)
	7.17 Δ ksdD1 Δ ksdD2- PamiksdD3ms	Km	
	7.18 Δ ksdD1 Δ ksdD2- PamiksdD4ms	Km	
	7.19 Δ ksdD1 Δ ksdD2- PamiksdD5ms	Km	
	7.20 Δ ksdD1 Δ ksdD2- PamiksdD6ms	Km	
	7.21 Δ ksdD1 Δ ksdD2- Δ choD (tDCO)	DCO/-	(+)
	7.22 Δ hsdD- Δ choD-PamiChoMs		
	7.23 Δ hsdD- Δ choD-PamiHsdMs		
	7.24 Δ hsdD- Δ choD-PhspChoTB		
	7.25 Δ hsdD- Δ choD-PhspHsdTB		
	7.26 Δ ksdD1	DCO / -	(+)
	7.27 Δ ksdD1-pTS1		
	7.28 Δ ksdD1-pTS9		
	7.29 Δ ksdD1-pTS2		
	7.30 Δ choD-Pami-choDms		Km
	7.31 Δ fad19	DCO / -	(+)

8- szczepy mutanty <i>M. tuberculosis</i>- cholesterol i naprawy DNA			
<i>M. tuberculosis</i>	8.1	Δ hsd (DCO19) Ra	DCO / - (+)
	8.2	Δ choD (DCO20) Ra	DCO / - (+)
	8.3	Δ ksd1D (DCO30) Ra	DCO / - (+)
	8.4	Δ choD (DCO20) Rv	DCO / - (+)
	8.5	Δ choD Δ hsd Ra	(+)
	8.6	Δ ksd1D (DCO30) Rv	DCO / - (+)
	8.7	Δ Ku Δ ligDRv	DCO
	8.8	Ra/ pMV306km	
	8.9	Rv/ pMV306km	
	8.10	Rv/ pMV306hyg	
	8.11	Δ Ku Δ ligD Δ RecAHYG (Rv)	
	8.12	Δ RecAHYG (Rv)	
	8.13	Δ RadA (Rv)	
	8.14	Δ DisA/pfas2MvGm	kompl
	8.15	Δ choD (DCO20) Rv/TBchoMVkm	kompl
	8.16	Δ hsd (DCO19) Ra/ TBhsdMVkm	kompl
	8.17	Ra/ TBksd1MVkm	
	8.18	Rv/ TBhsdMVkm	
	8.19	Rv/TBchoMVkm	
	8.20	Δ choD-Phsp-choDtb	Km
	8.21	Δ ksdD1 -Phsp-ksdDtb	Km
	8.22	Δ subAB	DCO / - (+)
	8.23	Δ (subAB,kstD1)	DCO / - (+)
	8.24	Δ mce4	DCO / - (+)
	8.25	Δ (mce4,kstD1)	DCO / - (+)
		Δ NucS Rv	DCO / - (+)
		Δ NucS BCG	DCO / - (+)
		Δ NucS kliniczny TB	DCO / - (+)
9- szczepy mutanty parA			
	9.1	Δ parAMs	DCO / -
	9.2	Msmc ² / PamiparA	
	9.3	Δ parAMs/ PamiparA	
	9.4	Msmc ² / Pami gfpparAst.	
	9.5	Δ parAMs/ Pami gfpparAst	
	9.6	Msmc ² / Pace parAMVkm	
	9.7	Δ parAMs / Pace parAMVkm	
10- szczepy mutanty degradosomu RNA			
	10.1	Δ rnj	DCO / - (+)
	10.2	Δ pnp+pJFR19::pnp	DCO /Km (+)
	10.3	Δ rhIE+pKW08::rhIE-eGFP	DCO /Hygr (+)
	10.4	Δ rne	SCO /Km
		Δ rhIE Msm	DCO / - (+)
		Δ RNJ Ms	DCO / - (+)
		Δ T-like Ms	DCO
		Δ PH Ms	DCO
		Δ RNAseD Ms	DCO
		Δ (RNAse Z1) Ms	DCO
		Δ (RNAse Z2) Ms	DCO
		Δ (PH, Tlike) Ms	DCO
		Δ (PH, RNAseZ1) Ms	DCO
		Δ (PH, Tlike, RNAseZ1) Ms	DCO
		Δ (PH, Tlike, RNAse D) Ms	DCO
		Δ (PH, RNAse D) Ms	DCO
		Δ (Tlike, RNAse D) Ms	DCO
		Δ (PH, Tlike, RNAseD) Ms	DCO
11 - szczepy mutanty TCSS			

<i>M. smegmatis</i>	11.1	Δ msmeg0432	DCO / -	
	11.2	Δ msmeg0432	SCO / Km	
	11.3	Msmeg0432 + pJAM w mc ²	Km	
	11.4	Msmeg0432 + pJAM w Δ msmeg0432	Km	
	11.5	Msmeg0432 + pMV306 w Δ msmeg0432	Km	
<i>M. tuberculosis</i>	11.6	Δ rv0195	DCO / -	
	11.7	Rv0195 + pKW08 w Rv	Hyg	
	11.8	Rv0195 + pKW08-GFP w Rv	Hyg	
	11.9	Rv0195 + pMV306 w Δ rv0195	Km	Hyg
	11.10	Δ rv0260	DCO / -	
	11.11	Rv0260 + pKW08 w Rv	Hyg	
	11.12	Rv0260 + pKW08-GFP w Rv	Hyg	
<i>M. smegmatis</i>	11.13	Δ msmeg1918	DCO / -	
	11.14	M_smeg1918 pKW08-GFP	Hyg	
	11.15	Δ msmeg1918 + msmeg1918::ptet w pKW08 Hyg	Hyg	
<i>M. tuberculosis</i>	11.16	Δ Rv3220c	DCO / -	
	11.17	Rv3220c + pKW08-GFP	Hyg	
<i>M. smegmatis</i>	11.18	Δ msmeg3246 + msmeg 3246 w pMV306 Hyg	kompl	
	11.19	Δ Rv1626 + pMV306 KM	DCO / KM	
	11.20	Δ Rv1626 + Rv1626(pod wł promotorem)w pMV306	Kompl/Hyg	
	11.21	Rv1626 + pKW08-GFP	Hyg	
	11.22	Δ msmeg2064	DCO/-	(+)
<i>M. tuberculosis</i>	11.23	Δ RV3143	DCO/-	(+)
	11.24	Δ RV3143	SCO/Km	(+)
	11.25	Δ RV3143 + RV3143(pod wł promotorem) w pMV306	kompl/Km	
	11.26	Rv3143 + pKW08-GFP	Hyg	
	11.27	Δ RV2027c	DCO/-	(+)
	11.28	Δ RV2027c	SCO/Km	(+)
<i>M. smegmatis</i>	11.29	Δ msmeg5241	DCO/-	(+)
	11.30	Δ msmeg5784	DCO/-	(+)
<i>M. tuberculosis</i>	11.31	Δ Rv2884	DCO/-	
<i>M. smegmatis</i>	11.32	Δ MtrB+pMV306Km	DCO/+	(+)
<i>M. smegmatis</i>		Δ MtrA+pMV306Km	DCO/+	(+)
<i>M. smegmatis</i>		MtrA+pMV306Km	nadprodukcja	
<i>M. smegmatis</i>		MtrA+pMV306Hyg	nadprodukcja	
<i>M. smegmatis</i>		MtrAY102C+pMV306Hyg	nadprodukcja	
<i>M. smegmatis</i>		MtrAY102C+ pMV306Km	nadprodukcja	
<i>M.tuberculosis</i>	11.34	Δ MtrB+MtrB::pacet w pJfr19	DCO/+	(+)
		Δ msmegGlnR	DCO/+	(+)
12 - <i>M. tuberculosis</i> - Czynniki transkrypcyjne/antytoksyny				
<i>M. tuberculosis</i>	12.1	Δ sigGRv0182c	DCO-	+
	12.2	Δ Rv3517 IAbiEi4)	DCO-	+
	12.3	Δ Rv3714c IAbiEi4)	DCO-	+
	12.4	Δ RvHigBA2	DCO	+
	12.5	Δ (Rv3517, Rv3714c)	DCO	+
	12.6	Δ (siG, Rv3517)	DCO	+
	12.7	Δ (siG, Rv3514c)	DCO	+
	12.8	Δ prpR	DCO	+
	12.9	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c)	DCO	+
	12.10	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c, 1073)	DCO	+
	12.11	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c,3555c)	DCO	+
	12.12	Δ Rv3555c IAbiEi4)	DCO	+
	12.13	Δ Rv1073 IAbiEi4)	DCO	+
	12.14	Δ Rv1482c IAbiEi4)	DCO	+
	12.15	Δ Rv(3517 , recA)	DCO	+
	12.16	Δ Rv)(3714, recA)	DCO	+
	12.17	Δ Rv(3714,3517,recA)	DCO	+
	12.18	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c, 1073) :rv3555cCRISPRstrong		
	12.19	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c, 1073) :rv3555cCRISPRweak		
	12.20	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c,3555c) :rv1073CRISPRstrong		
	12.21	Δ (Rv3517, Rv3714c, 1482c,3555c) :rv1073CRISPRweak		
13 - <i>M. smegmatis</i> : Szczepy mutanty polA				

<i>M. smegmatis</i>	13.1	polA/ Δ PolA	SCO/+	+
	13.2	Δ polA+polA (wł. Promotor) długi MV306	DCO/ hyg	+
	13.3	Δ polA+polA (wł. Promotor) krótki MV306	DCO/ Km	+
	13.4	Pr2polA/ Δ PolA	SCO/+	+
	13.5	Δ Pr2 Δ polA+polA (wł. Promotor) długi MV306	DCO/ hyg	+
	13.6	Δ Pr2 Δ polA+polA (wł. Promotor) krótki MV306	DCO/ Km	+
	13.7	Pr2Pr3polA/ Δ PolA	SCO/+	+
	13.8	Δ Pr2 Δ Pr3 Δ polA+polA (wł. Promotor) długi MV306	DCO/ hyg	+
	13.9	Δ Pr2 Δ Pr3 Δ polA+polA (wł. Promotor) krótki MV306	DCO/ Km	+
14 – szczepy mutanty mykobakteryjnyh acylokarboksylaz				
<i>M. smegmatis</i>	14.1	Δ accD6Ms	DCO(-)	(+)
	14.2	Δ accD6Ms+PamiaccD6Ms	DCO(-)+kpl (Km)	(+)
	14.3	Δ accD6Ms+PamiaccD6Tb	DCO(-)+kpl (Km)	(+)
	14.4	Δ accD6Ms+ PfasIITbaccD6Tb	DCO(-)+kpl (Hyg)	(+)
	14.5	Δ accD6Ms Δ kasBMs	DCO(-/-)	(+)
	14.6	Δ accD6Ms Δ kasBMs+PfasIITbaccD6Tb	DCO(-)+kpl (Hyg)	(+)
	14.7	Δ accD6Ms Δ kasBMs+PamikasBMs	DCO(-/-)+kpl (Km)	(+)
	14.8	Δ accD6Ms Δ kasBMs+PamiaccD6Ms	DCO(-/-)+kpl (Km)	(+)
	14.9	Δ accD6Ms Δ kasBMs+PamiaccD6Tb	DCO(-/-)+kpl (Km)	(+)
	14.10	Δ accD6Ms Δ kasBMs+PaccMsaccD6Ms	DCO(-/-)+kpl (Km)	(+)
	14.11	Δ accD6Ms Δ kasBMs+PfasIITbkasBMs	DCO(-/-)+kpl (Hyg)	(+)
	14.12	Δ accD1Ms	DCO(-)	(+)
	14.13	Δ accD2Ms	DCO(-)	(+)
	14.14	Δ accD3Ms	DCO(-)	(+)
	14.15	Δ accD6;D1Ms	DCO(-)	(+)
	14.16	Δ accD6;D2Ms	DCO(-)	(+)
	14.17	Δ accD6;D3Ms	DCO(-)	(+)
	14.18	Δ accD4Ms+PamiaccD4Ms	DCO(+)+kpl (Km) mutant warunkowy	(+)
	14.19	Δ accD6Ms; Δ accD4Ms+PamiaccD4Ms	DCO(-)/DCO(+)+kpl (Km) mutant warunkowy	(+)
	14.20	Δ accD5Ms(SCO)	SCO(+)	(-)
	14.21	Δ accD6Ms Δ kasBMs Δ accD1Ms	DCO	(+/-)
	14.22	Δ accD6Ms/accD4Ms(SCO)	DCO(-)/SCO(+)	(+/-)
	14.23	Δ accD6Ms Δ kasBMs /accD4Ms(SCO)	DCO(-)/DCO(-)/SCO(+)	(+/-)
	14.24	Δ accD6Ms/accD5Ms(SCO)	DCO(-)/SCO(+)	(+/-)
<i>M. tuberculosis</i>	14.25	Δ accD6Tb+PfasIITbaccD6Tb	DCO(+)+kpl (Hyg) mutant warunkowy	(+)
	14.26	Δ accD6Tb+PfasIITbFASIIITb	DCO(+)+kpl (Gm) mutant warunkowy	(+)
	14.27	Δ accD6Tb+PaccTbaccD6Tb	DCO(+)+kpl (Gm) mutant warunkowy	(+)
	14.28	Δ accD6Tb+PfasIITbaccD6Ms	DCO(+)+kpl (Hyg) mutant warunkowy	(+)
	14.29	Δ accD6Tb+PfasIITbaccD5Ms	DCO(+)+kpl (Hyg) mutant warunkowy	(+)
	14.30	Δ accD6Tb+PfasIITbaccD5Tb	DCO(+)+kpl (Hyg) mutant warunkowy	(-)
15 – inne szczepy mutanty metabolizmu ściany komórkowej <i>Mycobacterium</i>				
<i>M. tuberculosis</i>	15.1	Δ echA16Tb	DCO(-)	(+)
<i>M. tuberculosis</i>	15.2	acpMTb	SCO(+)	(-)
<i>M. smegmatis</i>	15.3	acpMMs	SCO(+)	(-)
16 – szczepy mutanty <i>M. marinum</i>				
<i>M. marinum</i>	16.1	Δ papA4(MMAR_2343)::Tn		(+)
<i>M. marinum</i>	16.2	Δ MMAR_2331	DCO(-)	(+)
<i>M. marinum</i>	16.3	Δ MMAR_2321	DCO(-)	(+)
<i>M. marinum</i>	16.4	Δ MMAR_2349	DCO(-)	(+)

<i>M. marinum</i> 16.5	ΔMMAR_2331+ΔMMAR_2331(kpl.)	DCO(-)+kpl (Km)	(+)
<i>M. marinum</i> 16.6	ΔMMAR_2321+ΔMMAR_2321(kpl.)	DCO(-)+kpl (Km)	(+)
<i>M. marinum</i> 16.7	ΔMMAR_2349+ΔMMAR_2349(kpl.)	DCO(-)+kpl (Km)	(+)
<i>M. marinum</i> 16.8	ΔMMAR_3010	DCO(-)	(+)
<i>M. marinum</i> 16.8	ΔMMAR_1554	DCO(-)	(+)
17 – szczepy <i>Mycobacterium</i> z ekspresją niestabilnego GFP			
17.1	Msm+pMV261::GFP3 (<i>M. smegmatis</i> z niestabilnym GFP z wektora pHLEGM3)		
17.2	Msm+pMV206hspX::GFP3 (<i>M. smegmatis</i> z niestabilnym GFP z wektora pHLEGM3)		
17.3	Mbovis+pHLEGM2 (<i>M. bovis</i> z niestabilnym GFP)		
17.4	Mbovis+pHLEGM3 (<i>M. bovis</i> z niestabilnym GFP)		
17.5	Mbovis+pHLEGM4 (<i>M. bovis</i> z niestabilnym GFP)		
17.6	Mbov+pMV261::GFP2 (<i>M. bovis</i> z niestabilnym GFP z wektora pHLEGM2)		
17.7	Mbov+pMV261::GFP3 (<i>M. bovis</i> z niestabilnym GFP z wektora pHLEGM3)		
18- szczepy <i>M. smegmatis</i> -mutanty Rnaz H i gyrazy			
18.1	ΔrnhA	DCO	
18.2	ΔrnhB	DCO	
18.3	ΔrnhA+Akomplementacja	DCO	
18.4	ΔrnhA+ΔrnhB	DCO	
	Δ3873 M.s		
	Δ4305/Δ3873_M.s		
	ΔMSMEG3873/ΔMSMEG6643:attB MSMEG3873_MSMEG_pMV306_KmR		
	ΔMSMEG4305/ΔMSMEG6643:attB MSMEG4305_MSMEG_pMV306_HygR		
	ΔrnhA/Δ4305:attB4305 N'terminal short_MSMEG_pMV306_Km		
	Δ4305/Δmsmeg6643_M.s		
	Δ3873/Δmsmeg6643_M.s		
	Δ6643 Ms		
<i>M.tb</i> 18.5	Δ(prpR,bac)	DCO	
<i>M.tb</i> 18.6	Δbac	DCO	
<i>Mtb</i>	ΔcobIJ	DCO	+
<i>Mtb</i>	H37Rv::attB_riboswitch_GFP_pMV306Km_M.tb		
<i>Mtb</i>	321clinical::attB_riboswitch_GFP_pMV306Km_Mtb		
<i>Mtb</i>	404clinical::attB_riboswitch_GFP_pMV306Km_Mtb		
<i>Mtb</i>	663clinical::attB_riboswitch_GFP_pMV306Km_Mtb		
<i>Mtb</i>	216/8clinical::attB_riboswitch_GFP_pMV306Km_Mtb		
<i>Mtb</i>	218/8clinical::attB_riboswitch_GFP_pMV306Km_Mtb		
<i>Mtb</i>	H37Rv::attB_riboswitch_acc66_pMV306km_Mtb		
<i>Ms</i>	Δ4305::attB_Rv2228c _{pace}		
<i>Mtb</i>	ΔgyrA	DCO	
<i>Mtb</i>	ΔgyrB	DCO	
<i>Mtb</i>	Δ(gyrA,B)	DCO	
19 - <i>M. tuberculosis</i> - 19- IL 8 i SAA			
19.1	ΔAslA=ΔAtsG	DCO/-	
19.2	RvAslA:PtetAslA (KW08 replikacyjny)	Nadprodukcja, HygR	
19.3	RvSahA:PtetSahA (KW08 replikacyjny)	Nadprodukcja, HygR	
19.4	RvAtpA:PtetAtpA (KW08 replikacyjny)	Nadprodukcja, HygR	
19.5	RvABC:PtetABC (KW08 replikacyjny)	Nadprodukcja, HygR	
19.6	RV3881-His	Ekspresja białka ApR	
19.7	Rv0009-His	Ekspresja białka ApR	
19.8	Rv2140c-His	Ekspresja białka ApR	
19.9	Rv0423-His	Ekspresja białka ApR	

20- Mutanty <i>M. tuberculosis</i> CRISPR-Cas9			
20.1	RvpcnA		
20.2	RvpapI		
20.3	Rv Δ(3714, 3517, 1082) 1073crispr+3555c crispr		
20.4	Rv 1073		
20.5	Rv 3555c		
20.6	RvruvA		
20.7	RvruvC		
20.8	RvrhlE		
20.9	RvrnpB		
20.10	Rv ppE51		
	Cas9 RnpB tb		
	Cas9 RhlE tb		
20.11	Rv Mmpr5Cas9		
	Rv1340(PH)-His	Ekspresja białka ApR	
	RvT-like(2179)-His	Ekspresja białka ApR	
	RvT-like Cas9		
	RvPH Cas9		
	Rv(T-Like,PH) Cas9		
	Rv(PapI,Pnp) Cas9		
	RvMtrACRISPR		
	RvMtrA MvKm	komplementacja	
	RvMtrA MvHyg	komplementacja	
	RvMtrAmutY102C MvKm	komplementacja	
	RvMtrAmutY102C MvHyg	komplementacja	

Szcepki *E. coli* wytworzone w ramach SPUB w Pracowni Sygnalizacji Komórkowej

Typ	Linia macierzysta	Wprowadzony wektor	Antybiotyki selekcyjny
Ekspresja białka rekombinowanego	<i>E. coli</i> BL21(DE3)	pRSET/tymozyna beta	Ampicilina
Ekspresja białka rekombinowanego	<i>E. coli</i> BL21(DE3)	pRSET/PAI-1	Ampicilina
Ekspresja białka rekombinowanego	<i>E. coli</i> BL21(DE3)	pRSET/fragment łańcucha alfa fibrynogenu (22-80 AA)	Ampicilina
Ekspresja białka rekombinowanego	<i>E. coli</i> BL21(DE3)	pRSET/AGP	Ampicilina
Ekspresja białka rekombinowanego	<i>E. coli</i> BL21(DE3)	pET15b/PAI-2	Ampicilina
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pCMV/HA/PAI-1	Ampicilina
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pCMV/HA/PAI-2	Ampicilina
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pCMV/HA/matryna-3	Ampicilina
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pCMV/HA/AGP	Ampicilina
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pEGFP/PAI-1	Kanamycyna
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pEGFP/matryna-3	Kanamycyna
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pEGFP/tymozyna beta	Kanamycyna
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pEGFP/tymozyna beta ze zmutowaną sekwencją sygnałową	Kanamycyna
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pEGFP/tymozyna beta ze zmutowaną sekwencją wiążącą aktywną	Kanamycyna
Amplifikacja plazmidów	<i>E. coli</i> TOP10	pEGFP/tymozyna beta ze zmutowaną sekwencją lokalizacji jądrowej	Kanamycyna

Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli TOP10</i>	pcDNA/neuromedyna	Ampicylina
Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli TOP10</i>	pcDNA/podjednostka integryn alfa 2	Ampicylina

Szczepy *E. coli* wytworzone w ramach SPUB w Pracowniach: Wirusologii i Chemii Medycznej

Typ	Linia macierzysta	Wprowadzony wektor	Antybiotyk selekcyjny
Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli</i> TOP10	pRc/CMV2/HCMV UL55	Ampicylina
Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli</i> TOP10	pCMV/HCMV UL146/G1	Ampicylina
Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli</i> TOP10	pCMV/HCMV UL146/G5	Ampicylina
Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli</i> TOP10	pCMV/HCMV UL146/G7	Ampicylina
Amplifikacja plazmidów	<i>E.coli</i> TOP10	pCMV/HCMV UL146/G12	Ampicylina

Ponadto w kolekcji znajdują się **szczepy (bakterie i grzyby) z kolekcji ATCC**: *Candida albicans*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Aspergillus niger*, *Staphylococcus aureus*.
Szczepy *Salmonella enterica* ser. Anatum, Cottbus, Thompson, Enteritidis, Typhimurium, Infantis, Hadar, Virchow, Manchester, Stanley, Chester, Anatum, Newport
Szczepy *Klebsiella pneumoniae* O3, *Acinetobacter baumannii* ATCC 19606, *Escherichia coli* ATCC 25922, *Klebsiella oxytoca* ATCC 43086, *Klebsiella pneumoniae* ATCC 10031, *Listeria monocytogenes* ATCC 13932, *Neisseria gonorrhoeae* ATCC 19424, *Neisseria meningitidis* (Group A) ATCC 13077, *Neisseria meningitidis* (Group B) ATCC 13090, *Neisseria meningitidis* (Group C) ATCC 13102, *Proteus mirabilis* ATCC 12453, *Proteus vulgaris* ATCC 33420, *Salmonella enteritidis* (Group D) ATCC 13076, *Salmonella paratyphi* (Group A) ATCC 9150, *Salmonella typhimurium* ATCC 13311, *Shigella flexneri* (Serotype 1a) ATCC 9199, *Shigella flexneri* (Serotype 2b) ATCC 12022, *Shigella sonnei* ATCC 25931, *Yersinia enterocolitica* ATCC 23715, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 10145, *Pseudomonas putida* ATCC 49128.

Dodatkowo Instytut dysponuje kolekcją szeregu drobnoustrojów o właściwościach denitryfikacyjnych z rodzaju *Pseudomonas* i *Burkholderia*, wyizolowanych z barier denitryfikacyjnych utworzonych na potrzeby eksperymentu polowego, a także drobnoustrojów z rodzaju *Microcystis* oraz *Aeromonas* zasiedlających zakwity sinicowe.

Poza tym Instytut prowadzi badania z wykorzystaniem klinicznych szczepów *M. kansasii* izolowanych od pacjentów jak również klinicznych szczepów *S. aureus* izolowanych od zwierząt hodowlanych.

1. Kolekcje szczepów wirusowych

Szczepy wirusowe:

HCMV (*Cytomegalovirus*) – ludzki wirus cytomegalii, szczepy laboratoryjne AD169, Towne, Davis, Merlin i szczep kliniczny (ATCC-VR-1788), **HSV-1** (*Herpes Simplex Virus* type 1) - wirus opryszczki typu 1, **VSV** (*Vesicular Stomatitis Virus*) - wirus pęcherzykowego zapalenia błony śluzowej jamy ustnej bydła, **EMCV** (*Encephalomyocarditis Virus*) - wirus zapalenia mózgu i mięśnia sercowego, szczep Col MM, **NDV** (*Newcastle Disease Virus*)- wirus rzekomego pomoru

drobiu, **HPIV-1** (*Human Parainfluenza virus type 1*) – wirus ludzki paragrypy typu 1, **HPIV-3** (*Human Parainfluenza virus type 3*) – wirus ludzki paragrypy typu 3, **HHV-3** (*Human Herpesvirus 3*, **VZV**- *Varicella-zoster virus*)-wirus ospy wietrznej i półpaśca. Kliniczne szczepy **HCMV**.

Kolekcje plazmidów reporterowych wytworzonych w ramach SPUB w Pracowni Epigenetyki

Typ	Gen	Sekwencja	Plazmid	Antybiotyk selekcyjny
Reporter	<i>HIF1A</i>	-863/+5	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-979/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-642/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-449/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-242/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-869/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-589/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-341/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-180/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-1050/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-650/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-428/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-214/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-1150/+86	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-627/+86	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-370/+86	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-151/+86	pGL3-Basic	Ampicylina

2. Hodowle ssacych linii komórkowych:

EA.hy926 - nieśmiertelna linia komórkowa ludzkiego śródbłonna; **HepG2**, **Hep3B**, **SNU-398**, **SNU-449** – linie raka wątrobowokomórkowego; **HepaRG** – nieśmiertelne komórki wątroby człowieka; **U937** – linia ludzkiej białaczki monoblastycznej; **A549** – linia ludzkiego raka drobnokomórkowego płuc; **MRC-5** – linia ludzkich fibroblastów płuc, **MRC-9** linia ludzkich fibroblastów płuc; **RPMI 2650** – linia komórek raka kolczysto komórkowego skóry; **Namalwa** – linia komórek chłoniaka Burkitta zawierająca DNA wirusa *Epsteina-Barr*; linie nowotworowe raka jajnika: **ES-2**, **SW626**, **SK-OV-3**, **OAW-42**, **OVCAR-3**, **A2780**, **A2780cis** linie ludzkich komórek tucznych – **HMC-1** i **LAD2**, linia komórek ostrej białaczki monocytarnej **THP-1**; **MDA-MB-435S** – linia komórek czerniaka metastatycznego; **WM1552C** – linia komórek czerniaka w fazie wzrostu radialnego; **WM853** - linia komórek czerniaka w fazie wzrostu wertykalnego; **WM3268** - linia komórek czerniaka w fazie wzrostu wertykalnego; **451Lu** - linia komórek czerniaka metastatycznego; **SHSY5Y** – linia komórek neuroblastoma; **Jurkat** – linia nieśmiertelnych komórek T; **K562** – linia komórek białaczki szpikowej; **HEL 92.1.7** – linia komórek ostrej białaczki szpikowej typu erytroleukemii; Hs 766T - linia komórek raka trzustki; **NCI-N87** – linia komórek raka żołądka; **MCF7** – linia komórek raka piersi; **CaCO2** - linia komórkowa raka jelita grubego; **CTLL-2** ludzka limfocytarna; **JEG3** ludzka linia nabłonka kosmówkowego złośliwego; **Vero** i **LLC-MK2** – nieśmiertelne linie małpich komórek nerki (**Vero** małpia nabłonkopodobna **LLC-MK2** małpia nabłonkopodobna). **C57**, **MCP5/L**, **CFTL15**, **MC9** - linie mysich komórek tucznych; **NIH 3T3/L1** - linia mysich adipocytów; **HEL30** - linia mysich keratynocytów; **J774** - linia monocytarno-makrofagowa; **EL-4** - linia mysiego chłoniaka; **HECa10** - linia nieśmiertelnych komórek mysiego węzła chłonnego; **J7.DEF.3** - linia komórek mysich

makrofagów; **L929** - linia mysich fibroblastów; **P 388D1** - linia mysich makrofagów; **WI-38** ludzka fibroblastopodobna; **CTLL-2** - mysia linia cytotoksycznych limfocytów T; **C6** - linia komórek glejaka szczura. **MRC-5** ludzka fibroblastopodobna, **L929** mysia fibroblastopodobna, **A549** ludzka nabłonkopodobna, **P 388D1** mysia monocytarno-makrofagowa, **Vero** małpia nabłonkopodobna, **7 TD1** hybrydoma mysio-szczurza, **CTLL-2** ludzka limfocytarna, **LLC-MK2** małpia nabłonkopodobna, **RPMI 2650** ludzka nabłonkopodobna. **Namalwa** ludzka linia limfoblastopodobna chłoniaka Burkitta zawierająca DNA wirusa *Epsteina-Barr*, **JEG3** ludzka linia nabłoniaka kosmówkowego złośliwego, **HeLa i Ca Ski**, ludzkie nabłonkowe raka szyjki macicy. **SCC9, SCC15, SCC25** – ludzkie linie raka kolczystokomórkowego, HT29, T84, HCT-116, **SW480, Colo320, SW620, HCT15** – ludzkie linie raka jelita grubego, **MC38**- mysia linia raka jelita grubego.

Część komórek z tych linii komórkowych została poddana transfekcji wektorami reporterowymi z białkiem GFP (*green fluorescence protein*) lub lucyferazą i drogą klonowania utworzono odpowiednie podlinie:

EL-4 – IL2 – linia mysiego chłoniaka ze stabilnie stransfekowanym wektorem zawierającym region regulatorowy interleukiny 2;
EL-4 – IL4 – linia mysiego chłoniaka ze stabilnie stransfekowanym wektorem zawierającym region regulatorowy interleukiny 4;
EL-4 – IL10 – linia mysiego chłoniaka ze stabilnie stransfekowanym wektorem zawierającym region promotora interleukiny 10;
EL-4 – INF- γ – linia mysiego chłoniaka ze stabilnie stransfekowanym wektorem zawierającym region promotora interferonu gamma;
EL-4 – actin– linia mysiego chłoniaka ze stabilnie stransfekowanym wektorem zawierającym region promotora aktyny;
nhrtox-HepG2 – linia raka wątrobowokomórkowego stabilnie transfekowana wektorem reporterowym zawierającym elementy odpowiedzi dla receptora jądrowego PXR;
rory – HepG2 – linia raka wątrobowokomórkowego stabilnie transfekowana wektorem reporterowym zawierającym elementy odpowiedzi dla receptora jądrowego ROR γ ;
pGL4.35 – HepG2 - linia raka wątrobowokomórkowego stabilnie transfekowana wektorem reporterowym zawierającym elementy odpowiedzi dla drożdżowego białka GAL4;
IS23-NFkBRE-SK-OV-3 – linia raka jajnika stabilnie transfekowana wektorem reporterowym zawierającym elementy odpowiedzi na zaktywowany czynnik transkrypcyjny NF- κ B.
IgE anty-DNP hybrydoma (unieśmiertelnione komórki produkujące monoklonalne IgE anty DNP).

Kolekcje plazmidów reporterowych wytworzonych w ramach SPUB w Pracowni Epigenetyki

Typ	Gen	Sekwencja	Plazmid	Antybiotyk selekcyjny
Reporter	<i>HIF1A</i>	-863/+5	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-979/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-642/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-449/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>ABCB10</i>	-242/+133	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-869/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-589/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-341/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>RORγT</i>	-180/+78	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-1050/+58	pGL3-Basic	Ampicylina

Reporter	<i>GLUT5</i>	-650/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-428/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>GLUT5</i>	-214/+58	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-1150/+86	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-627/+86	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-370/+86	pGL3-Basic	Ampicylina
Reporter	<i>G6PC</i>	-151/+86	pGL3-Basic	Ampicylina

Stabilne linie komórkowe wytworzone w ramach SPUB w Pracowni Regulacji Transkrypcyjnej

Typ	Linia macierzysta	Wprowadzony wektor	Antybiotyk selekcyjny
Reporterowa	MDA-MB-435S, czerniak	phABC8(-1323/+83)Luc	Higromycyna B
Reporterowa	LNCap, rak prostaty	ph(AREIII)3-(AREII)3-(AREI)3-tk-Luc	Higromycyna B
Ekspresyjna	451Lu, czerniak	29mer control shRNA construct in retroviral (pRS)untagged vector	Puromycyna
Ekspresyjna	451Lu, czerniak	29mer SIRT2 shRNA construct in retroviral (pRS) untagged vector	Puromycyna
Ekspresyjna	MDA-MB-435S, czerniak	29mer SIRT2 shRNA construct in retroviral (pRS) untagged vector	Puromycyna
Ekspresyjna	WM853, czerniak	29mer SIRT2 shRNA construct in retroviral (pRS) untagged vector	Puromycyna
Reporterowa	HepG2, rak wątrobowokomórkowy	ph(RORE)-tk-Luc	Higromycyna B
Reporterowa	HepG2, rak wątrobowokomórkowy	ph(PXRE)-SV40-Luc	Higromycyna B
Reporterowa	Hep3B, rak wątrobowokomórkowy	ph(NFkappaB RE)-tk-Luc	Higromycyna B
Reporterowa	Sk-Ov-3, rak jajnika	ph(NFkappaB RE)-tk-Luc	Higromycyna B
Reporterowa	Hep3B, rak wątrobowokomórkowy	ph(ARE)-tk-Luc (Antioxidant Response Elements)	Higromycyna B
Reporterowa	Sk-Ov-3, rak jajnika	ph(ARE)-tk-Luc (Antioxidant Response Elements)	Higromycyna B
Reporterowa	Hep3B, rak wątrobowokomórkowy	ph(AHRE)-tk-Luc (Aryl Hydrocarbon Response Element)	Higromycyna B
Reporterowa	RD, mięsak prątkowanokomórkowy	ph(GRE)-tk-Luc (Glucocorticoid Response Element)	Higromycyna B

Stabilne linie komórkowe wytworzone w ramach SPUB w Pracowni Epigenetyki

Typ	Linia macierzysta	Wprowadzony wektor	Antybiotyk selekcyjny
Reporterowa	LNCap, rak prostaty	ph(AREIII)3-(AREII)3-(AREI)3-tk-Luc	Higromycyna B
Ekspresyjna	451Lu, czerniak	29mer control shRNA construct in retroviral (pRS)untagged vector	Puromycyna
Ekspresyjna	451Lu, czerniak	29mer SIRT2 shRNA construct in retroviral (pRS) untagged vector	Puromycyna
Ekspresyjna	MDA-MB-435S, czerniak	29mer SIRT2 shRNA construct in retroviral (pRS) untagged vector	Puromycyna
Ekspresyjna	WM853, czerniak	29mer SIRT2 shRNA construct in retroviral (pRS) untagged vector	Puromycyna
Reporterowa	HepG2, rak wątrobowokomórkowy	ph(RORE)-tk-Luc	Higromycyna B
Reporterowa	HepG2, rak wątrobowokomórkowy	ph(PXRE)-SV40-Luc	Higromycyna B
Reporterowa	HepG2, rak wątrobowokomórkowy	pGL4.35[luc2P/9XGAL4UAS/Hygro]	Higromycyna B

Wykaz aparatury wchodzącej w skład specjalnego urządzenia badawczego pn. „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji i hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” w latach 2020-2021.

PRACOWNIA REGULACJI TRANSKRYPCYJNEJ I IMMUNOLOGII KOMÓRKOWEJ

Numer ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-579	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD THERMO/HOLTEN	51 936,62
ST-580	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD THERMO/HOLTEN	51 936,62
ST-581	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD THERMO/HOLTEN	51 936,62
ST-575	INKUBATOR CO2 Z WYPOSAŻENIEM THERMO/FORMA STERII CULT	48 800,00
ST-576	INKUBATOR DUŻY CO2 Z WYPOSAŻENIEM THERMO/FORMA	48 800,00
ST-577	INKUBATOR DUŻY CO2 Z WYPOSAŻENIEM THERMO/FORMA	48 800,00
ST-725	INKUBATOR CO2 Z PŁASZCZEM POWIETRZNYM THERMO SCIENTIFIC	24 999,48
ST-560	PLATFORMA DO BIOMEDYCZNYCH TESTÓW PRZESIEWOWYCH O DUŻEJ ZAWARTOŚCI DANYCH ArrayScan Vti	1 824 681,33
ST-787	ZESTAW APARATURY DO NISKOTEMP. PRZECHOWYWANIA PRÓBEK	68 771,40
ST-102	KOMORA LAMINARNA	37 227,87
ST-726	ZBIORNIK (NACZYNIENIE DEWARA) + ALARM NISKIEGO POZIOMU	22 027,83
ST-574	ZAMRAŻARKA DO PRZECHOWYWANIA PRÓBEK W TEMPERATURZE CIEKŁEGO AZOTU	99 421,46
ST-673	TERMOCYKLER Z BLOKIEM DZIELONYM NA STREFY - VERITI 96-W THERMAL CYCLER	40 381,81
ST-683	ZAMRAŻARKA NISKOTEMPERATUROWA VXS380	55 493,10
ST-696	SPEKTROLUMINOMETR DO PŁYTEK WIELOPOZYCYJNYCH INFINITE MC200 PRO	234 714,05
ST-710	SYSTEM DO OCZYSZCZANIA WODY MILLI-Q INTEGRAL-5	44 182,17

ST-722	NACZYNIĘ DEWARA DO CIEKŁEGO AZOTU XL 240 PB-CE	18 128,90
ST-559	APARAT DO ILOŚCIOWEJ DETEKЦИИ KWASÓW NUKLEINOWYCH TECHNIKĄ REAL TIME	249 488,78
ST-703	SYSTEM DO DOKUMENTACJI ŻELI	169 458,20
ST-141	ULTRAWIRÓWKA	154 004,65
ST-126	ULTRAWIRÓWKA BECKAMAN	46 104,00

PRACOWNIA WIRUSOLOGII i CHEMII MEDYCZNEJ

Numer-ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-367	KOMORA LAMINARNA	24 012,66
ST-369	INKUBATOR BB16 Z PRZEPLYWEM CO2 FUNCTIN LINE	17 735,50
ST-627	KOMORA LAMINARNA HS KS 12	39 686,88
ST-756	KOMORA LAMINARNA	48 868,32
ST-757	INKUBATOR Z PRZEPLYWEM CO2	39 098,56
ST-821	SYSTEM DO PRZECHOWYWANIA PRÓB W CIEKŁYM AZOCIE	35 203,10
ST-686	SYSTEM DO SPEKTROSKOPII I MIKROSPEKTROSKOPII W PODCZERWIENI Z TRANSFORMACJA FOURIERA FT-IR NICOLET 6700	205 530,00
ST-688	SPEKTROFOTOMETR UV/VIS DO POMIARU STĘŻENIA	64 445,18
ST-723	SYSTEM DO AUTOMATYCZNEJ ELEKTROFOREZY KAPILARNEJ QIAXCEL	205 042,72
ST-754	APARAT DO ILOŚCIOWEJ DETEKЦИИ AMPLIFIKACJI KWASÓW NUKLEINOWYCH APPLIED BIOSYSTEMS	170 471,58

LABORATORIUM SKRININGOWE

ST-816	KOMORA LAMINARNA HERA SAFE KS 12	50 681,24
ST-813	KOMORA LAMINARNA HERA SAFE KS 15	52 438,04
ST-815	INKUBATOR CO2 HERA CL 240	60 243,60
ST-817	WIRÓWKA LABORATORYJNA EPPENDORF 5810R Z WYPOSAŻENIEM	54 153,50
ST-446	DETEKTOR ELEKTROCHEMICZNY	40 131,17

PRACOWNIA GENETYKI I FIZJOLOGII MYCOBACTERIUM

Numer-ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-641	KOMORA LAMINARNA model Safemate 1.2 typ Vision	37 942,00
ST-483	KOMORA LAMINARNA HERA SAFE	31 114,93
ST-617	INKUBATOR typ bd 115	8 968,53
ST-640	INKUBATOR CO2 model Biolab typ 190S	27 694,00
ST-709	KOMORA LAMINARNA HERA	37 810,44
ST-820	CIEPLARKA	24 949,00
ST-792	CIEPLARKA	28 999,40
ST-311	WIRÓWKA SIGMA 3K30	26 725,26
ST-736	WIRÓWKA LABORATORYJNA EPPENDORF MODEL 5415R	23 738,71
ST-232	APARAT DO ELEKTROPORACJI	31 803,75
ST-495	HOMOGENIZATOR	9 634,76
ST-670	TERMOCYKLER Z BLOKIEM DZIELONYM NA STREFY - VERITI 96-W THERMAL CYCLER Z KOMPUTEREM TYPU LAPTOP	40 456,16
ST-677	AUTOMATYCZNY SYSTEM DO ANALIZ POLIMORFIZMÓW I MUTACJI 3500 GENETIC ANALYZER	515 353,84
ST-685	ZAMRAŻARKA SKRZYNIOWA -86°C 6601 PREMIUM	70 138,63
ST-742	AUTOKŁAW EXTENDED 2100 02	4 734,40
ST-665	TERMOCYKLER WIELOBLOKOWY T3000 Z KOMPUTEREM TYPU LAPTOP	47 985,21
ST-676	AUTOMATYCZNY SYSTEM DO ANALIZ POLIMORFIZMÓW I MUTACJI 3500 GENETIC ANALYZER	515 353,83
ST-699	KOMORA LAMINARNA	53 448,68
ST-734	SYSTEM DO HOMOGENIZACJI PRÓBEK MP	54 793,51
ST-748	WYTRZASARKA INFORS Ag Z INKUBACJĄ	31 311,79

PRACOWNIA SYGNALIZACJI KOMÓRKOWEJ

Numer ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-459	KOMORA LAMINARNA AURA 2000 MJ.A.C	24 595,35
ST-649	INKUBATOR CO2 model 490-1CE	24 888,00
ST-643	WIELOFUNKCYJNA WIRÓWKA STOŁOWA Z WYPOSAŻENIEM	52 948,00
ST-892	KOMORA LAMINARNA	29 999,70
ST-681	ZAMRAŻARKA	45 670,42
ST-873	KOMORA LAMINARNA	16 533,20

PRACOWNIA IMMUNOBIOLOGII ZAKAŻEŃ

Numer ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-435	INKUBATOR FORMA HEPA FILTER	22 348,86
ST-451	KOMORA LAMINARNA II KLASY FORMA SCIENTIFIC	29 559,71
ST-433	ZBIORNIK CIEKŁEGO AZOTU	18 284,61
ST-668	TERMOCYKLER DWUBLOKOWY Z GRADIENTOWYM PODWÓJNYM BLOKIEM GRZEJNYM C1000 TERMAL CYCLER CHASSIS Z KOMPUTEREM TYPU LAPTOP	38 628,15
ST-674	TERMOCYKLER Z BLOKIEM DZIELONYM NA STREFY - VERITI 96-W THERMAL CYCLER Z KOMPUTEREM TYPU LAPTOP	45 353,83
ST-680	ZAMRAZARKA SZAFOWA NEW BRUNSWICK; TYP U725	75 470,42
ST-881	KOMORA LAMINARNA II KLASY BIOHAZARD	39 998,92

PRACOWNIA BIOLOGII MOLEKULARNEJ I KOMÓRKOWEJ

Numer ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-238	KOMORA LAMINARNA HERAEUS LAMINAR AIR HBB 2448	35 211,71
ST-876	POJEMNIK DO PRZECHOWYWANIA PRÓB W CIEKŁYM AZOCIE	9 760,00
ST-678	CYTOMETR PRZEPLYWOWY Becton Dickinson model LSR II	713 505,00
ST-689	ZAMRAŻARKA NISKOTEMPERATUROWA, SZAFOWA FORMA 991	54 042,30
ST-587	ZESTAW DO BADANIA KINETYKI ADHEZJI KOMÓREK	248 498,94
ST-698	KOMORA LAMINARNA	53 448,68
ST-878	WIRÓWKA (5810R)	30 103,38
ST-578	INKUBATOR MAŁY Z CO2 THERMO/FORMA DIRECT-HEART	36 291,34

INSTYTUT

Numer ST	Nazwa aparatury	Wartość
ST-529	ZAMRAŻARKA -80 C model PLATINIUM 500	39 345,00
ST-531	AUTOKŁAW LAB. SYSTEC V-75	52 401,44
ST-530	ZMYWARKA LABORATORYJNA SMEG GW 3050	32 723,20
ST-096	APARAT DO UZDATNIANIA WODY MILII R10 10 PLUS	15 585,70
ST- 223	ULTRAWIRÓWKA OPTIMA L-80	181 840,72
ST-887	SYSTEM OCZYSZCZANIA WODY	33 197,70

Wartość aparatury wykorzystywanej na potrzeby SPUB	8 122 228,33
---	---------------------

Specjalne urządzenie badawcze p.n.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” zapewnia dostępność w Instytucie Biologii Medycznej PAN unikatowych, w skali europejskiej, rekombinowanych linii komórkowych, w tym linii reporterowych, oraz rekombinowanych szczepów bakteryjnych, w tym ukierunkowanych mutantów prątków gruźlicy, a także szczepów wirusów. W IBM PAN specjalne urządzenie badawcze pn. „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji i hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” w latach 2020-2021 zostało wykorzystane do realizacji

zadań badawczych realizowanych w ramach działalności statutowej, projektów badawczych uzyskanych w drodze konkursów z MEiN, NCN oraz udostępnione łódzkiemu i krajowemu środowisku naukowemu do celów realizacji badań naukowych i rozwojowych w ramach Laboratorium Testów Przesiewowych i Alternatywnych na rzecz Biotechnologii, Farmacji i Kosmetologii. Aparatura i zasoby wchodzące w skład specjalnego urządzenia badawczego udostępniane są uczonym spoza Instytutu Biologii Medycznej PAN w ramach współpracy naukowej z pracownikami i jednostkami badawczymi Instytutu lub na zasadach komercyjnych. Elementy urządzenia wykorzystywane są w ramach projektów badawczych, realizowanych w jednostkach ze wszystkich większych polskich ośrodków naukowych, w tym z Warszawy, Krakowa, Gdańska, Poznania, Wrocławia i Lublina.

Posiadanie SPUB-u pn.: „Infrastruktura do prowadzenia i utrzymania kolekcji hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów, jako unikatowego miejsca badawczego o ogólnokrajowym znaczeniu” pozwoliło na wykonanie w 2020 roku 15 a w 2021 roku 20 zadań badawczych w ramach działalności statutowej oraz na realizację w 2020 r. 21 a w 2021 r. 26 projektów badawczych przyznanych przez NCN.

Dzięki wykorzystaniu SPUB Instytut opublikował w roku 2020 - 51 a w roku 2021 - 48 publikacji w recenzowanych czasopismach naukowych.

Stopień wykorzystania kolekcji **hodowli komórkowych, kolekcji szczepów bakteryjnych i wirusowych oraz plazmidów** przez społeczność naukową obrazują wielośrodkowe publikacje naukowe dotyczące między innymi charakterystyki szczepów *Mycobacterium*, szczepów *Salmonella enterica* subsp. *enterica*. Wirusowe szczepy laboratoryjne zostały wykorzystane w publikacjach dotyczących genotypowania szczepów i izolatów klinicznych HCMV oraz badania aktywności przeciwwirusowej związków chemicznych. Hodowle linii komórkowych były stosowane w badaniach oznaczania aktywności cytotoksycznej związków chemicznych. Wykaz prac opublikowanych w recenzowanych czasopismach naukowych, które powstały w związku z wykorzystaniem w IBM PAN specjalnego urządzenia badawczego, opublikowanych w ostatnich 3 latach również przy współpracy z zagranicznymi instytucjami naukowymi.

Wśród prac, które powstały w związku z wykorzystaniem w IBM PAN specjalnego urządzenia badawczego, opublikowanych w ostatnich 3 latach należy wymienić:

1. In Vitro Anticancer and Antivirus Activities of Cyano- and Bis(Trifluoromethylsulfonyl)imide-Based Ionic Liquids. Musiał M, **Olejniczak AB**, **Denel-Bobrowska M**, Zorębski E, Dzida M. **ACS Sustainable Chem Eng.** 2021, Nov 23, 9, 48, 16459-16465. doi:10.1021/acssuschemeng.1c06580
2. In Silico Modeling of Isoniazid-Steroid Conjugates Interactions with Mycobacterial Cytochromes P450 and Their Bioconversion in Vitro by the Cells. Faletrov YV, Gilep KA, Falchevskaya AS, Horetski MS, Panada JV, Andrievskaya EV, Rudaya EV, Frolova NS, **Brzostek A**, **Plocinska R**, Shkumatov VM. **Biochemistry (Moscow), Suppl. Series B: Biomed Chem** 2021; May 14;15: 111-118
3. The implication of IL-6 in the invasiveness and chemoresistance of ovarian cancer cells. Systematic review of its potential role as a biomarker in ovarian cancer patients. **Szulc-Kielbik I**, **Kielbik M**, Nowak M, **Klink M**. **Biochim Biophys Acta Rev Cancer**, 2021 Dec;1876(2):188639. doi: 10.1016/j.bbcan.2021.188639
4. Nanoparticles for Directed Immunomodulation: Mannose-Functionalized Glycodendrimers Induce Interleukin-8 in Myeloid Cell Lines. Jatzak-Pawlik I, Gorzkiewicz M, Studzian M, Zinke R, Appelhans D, Klajnert-Maculewicz B, **Pułaski Ł**. **Biomacromolecules**, 2021 Aug 9;22(8):3396-3407. doi: 10.1021/acs.biomac.1c00476

5. Interaction of Adenosine, Modified Using Carborane Clusters, with Ovarian Cancer Cells: A New Anticancer Approach against Chemoresistance. **Bednarska-Szczepaniak K, Przelazły E, Kania KD**, Szwed M, Litecká M, Grüner B, **Leśnikowski ZJ**. *Cancers (Basel)*, 2021 Jul 30;13(15):3855. doi: 10.3390/cancers13153855
6. Snail Overexpression Alters the microRNA Content of Extracellular Vesicles Released from HT29 Colorectal Cancer Cells and Activates Pro-Inflammatory State In Vivo. **Papiewska-Pająk I, Przygodzka P, Krzyżanowski D, Soboska K, Szulc-Kielbik I**, Stasikowska-Kanicka O, **Boncela J**, Wągrowaska-Danilewicz M, **Kowalska MA**. *Cancers (Basel)* 2021 Jan 6;13(2):E172. doi: 10.3390/cancers13020172
7. The Prognostic Value of Whole-Blood PSMB5, CXCR4, POMP, and RPL5 mRNA Expression in Patients with Multiple Myeloma Treated with Bortezomib. Robak P, **Jarych D**, Mikulski D, Drózdź I, Węglowska E, Kotkowska A, Misiewicz M, Smolewski P, Stawiski K, Fendler W, Szemraj J, Robak T. *Cancers (Basel)*, 2021 Feb 25;13(2):E951. doi: 10.3390/cancers13050951
8. Calreticulin-Multifunctional Chaperone in Immunogenic Cell Death: Potential Significance as a Prognostic Biomarker in Ovarian Cancer Patients. **Kielbik M, Szulc-Kielbik I, Klink M**. *Cells*, 2021 Jan 11;10(1):E130. doi: 10.3390/cells10010130
9. Dissecting the RecA-(In)dependent Response to Mitomycin C in Mycobacterium tuberculosis Using Transcriptional Profiling and Proteomics Analyses. **Brzostek A, Płociński P, Minias A, Ciszewska A, Gašior F, Pawelczyk J**, Dziadek B, Słomka M, **Dziadek J**. *Cells*, 2021 May 11;10(5):1168. doi: 10.3390/cells10051168
10. Do Mast Cells Contribute to the Antifungal Host Defense?: Żelechowska P, **Pastwińska J**, Brzezińska-Błaszczyk E, Agier J. *Cells*, 2021 Sep 22;10(10):2510. doi: 10.3390/cells10102510. Review
11. Imidazole-Thiosemicarbazide Derivatives as Potent Anti-Mycobacterium tuberculosis Compounds with Antibiofilm Activity. Bekier A, Kawka M, Lach J, **Dziadek J**, Paneth A, Gatkowska J, Dzitko K, Dziadek B. *Cells*, 2021, Dec 9, 10, 3476. doi.org/10.3390/cells10123476
12. LSD1 Facilitates Pro-Inflammatory Polarization of Macrophages by Repressing Catalase. Sobczak M, Strachowska M, Gronkowska K, **Karwaciak I, Pulaski Ł**, Robaszkiewicz A. *Cells*, 2021 Sep 18;10(9):2465. doi: 10.3390/cells10092465
13. Mycobacterium tuberculosis Binds Human Serum Amyloid A, and the Interaction Modulates the Colonization of Human Macrophages and the Transcriptional Response of the Pathogen. Kawka M, **Brzostek A**, Dzitko K, **Kryczka J**, Bednarek R, **Płocińska R, Płociński P**, Strapagiel D, Gatkowska J, **Dziadek J**, Dziadek B. *Cells*, 2021 May 20;10(5):1264. doi: 10.3390/cells10051264
14. The TLR9 2848C/T Polymorphism Is Associated with the CMV DNAemia among HIV/CMV Co-Infected Patients. **Jabłońska A**, Jabłonowska E, **Studzińska M**, Kamerys J, **Paradowska E**. *Cells*, 2021 Sep 8;10(9):2360. doi: 10.3390/cells10092360
15. Synthesis and evaluation of adenosine derivatives as A1, A2A, A2B and A3 adenosine receptor ligands containing boron clusters as phenyl isosteres and selective A3 agonists. **Bednarska-Szczepaniak K**, Mieczkowski A, **Kierozalska A**, Pavlović Saftić D, Głabała K, Przygodzki T, Stańczyk L, Karolczak K, Watała C, Rao H, Gao ZG, Jacobson KA, **Leśnikowski ZJ**. *Eur J Med Chem*, 2021 Nov 5;223:113607. doi: 10.1016/j.ejmech.2021.113607. Epub 2021 Jun 11
16. What are the current challenges with the application of boron clusters to drug design? **Leśnikowski ZJ**. *Expert Opin Drug Discov*, 2021 May;16(5):481-483. doi: 10.1080/17460441.2021.1867531. Epub 2020 Dec 28.

17. Neutrophil Elastase Defects in Congenital Neutropenia. Rydzynska Z, Pawlik B, **Krzyżanowski D**, Mlynarski W, Madzio J. **Front Immunol**, 2021 Apr 22;12:653932. doi: 10.3389/fimmu.2021.653932 Review
18. Polymorphisms of the FCN2 Gene 3'UTR Region and Their Clinical Associations in Preterm Newborns. **Świerzko AS, Jarych D, Gajek G**, Chojnacka K, Kobiela P, Kufelnicka-Babout M, Michalski M, Sobczuk K, **Szala-Póździej A**, Matsushita M, Mazela J, Domżańska-Popadiuk I, Kilpatrick DC, Kalinka J, Sekine H, **Cedzyński M**. **Front Immunol**, 2021 Oct 28;12:741140. doi: 10.3389/fimmu.2021.741140
19. Early Drug Development and Evaluation of Putative Antitubercular Compounds in the -Omics Era. **Minias A, Żukowska L, Lechowicz E, Gaśior F, Knast A**, Podlewska S, **Zygala D, Dziadek J**. **Front Microbiol**, 2021 Feb 2;11:618168. doi: 10.3389/fmicb.2020.618168 Review
20. ATP-Dependent Ligases and AEP Primases Affect the Profile and Frequency of Mutations in Mycobacteria under Oxidative Stress. **Brzostek A, Gaśior F**, Lach J, **Zukowska L, Lechowicz E, Korycka-Machala M**, Strapagiel D, **Dziadek J**. **Genes**, 2021 Apr 9;12:547. doi: 10.3390/genes12040547
21. Hassell-Hart S, Picaud S, Lengacher R, Csucker J, Millet R, Gasser G, Alberto R, Maple H, Felix R, **Lesnikowski ZJ**, Stewart HJS, Chevassut TJ, Morley S, Filippakopoulos P, Spencer J. Probing BRD Inhibition Substituent Effects in Bulky Analogues of (+)-JQ1. **Helv Chim Acta**, 2021 Mar 104(3) e2000214. doi: 10.1002/hlca.202000214
22. Hypoxia modulates human mast cell adhesion to hyaluronic acid. **Pastwińska J, Walczak-Drzewiecka A**, Kozłowska E, Harunari E, **Ratajewski M, Dastyh J**. **Immunol Res**, 2021 Nov 17. doi: 10.1007/s12026-021-09228-x
23. Polymorphisms in the IL-6 and TNF- α gene are associated with an increased risk of abdominal aortic aneurysm. **Jabłońska A**, Zagrapan B, Neumayer C, Eilenberg W, Scheuba A, Brostjan C, Demyanets S, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. **Int J Cardiol**, 2021 Apr 15;329:192-197. doi: 10.1016/j.ijcard.2020.12.051
24. CdSe/ZnS Core-Shell-Type Quantum Dot Nanoparticles Disrupt the Cellular Homeostasis in Cellular Blood-Brain Barrier Models. **Kania KD, Wagner W, Pułaski Ł**. **Int J Mol Sci**, 2021 Jan 22;22(3):1068. doi: 10.3390/ijms22031068
25. Composites of Nucleic Acids and Boron Clusters (C2B10H12) as Functional Nanoparticles for Downregulation of EGFR Oncogene in Cancer Cells. Kaniowski D, Ebenryter-Olbinska K, Kulik K, Suwara J, Cypryk W, Jakobik-Kolon A, **Lesnikowski Z**, Nawrot B. **Int J Mol Sci**, 2021 May 4;22(9): 4853. doi: 10.3390/ijms22094863
26. Design, synthesis, and evaluation of novel 3-carboranyl-1,8-naphthalimide derivatives as potential anticancer agents. **Rykowski S**, Gurda-Wozna D, Orlicka-Plocka M, Fedoruk-Wyszomirska A, Giel-Pietraszuk M, Wyszko E, Kowalczyk A, Staczek P, Bak A, Kiliszek A, Rypniewski W, **Olejniczak AB**. **Int J Mol Sci**, 2021 Mar 9;22(5): 2772. doi: 10.3390/ijms22052772
27. Impact of Selected Signaling Proteins on SNAIL 1 and SNAIL 2 Expression in Ovarian Cancer Cell Lines in Relation to Cells' Cisplatin Resistance and EMT Markers Level. **Kielbik M, Szulc-Kielbik I, Klink M**. **Int J Mol Sci**, 2021 Jan 19;22(2):980. doi: 10.3390/ijms22020980
28. Lactate Suppresses Retroviral Transduction in Cervical Epithelial Cells through DNA-PKcs Modulation. **Wagner W**, Sobierajska K, **Kania KD, Paradowska E**, Ciszewski WM. **Int J Mol Sci**. **Int J Mol Sci**, 2021 Dec 7;22(24):13194. doi: 10.3390/ijms222413194.
29. Molecular Mechanisms of Chemoresistance Induced by Cisplatin in NSCLC Cancer Therapy. Kryczka J, **Kryczka J**, Czarnecka-Chrebelska KH, Brzezińska-Lasota E. **Int J Mol Sci**, 2021 Aug 18;22(16):8885. doi: 10.3390/ijms22168885

30. Sample Preparation as a Critical Aspect of Blood Platelet Mitochondrial Respiration Measurements-The Impact of Platelet Activation on Mitochondrial Respiration. Siewiera K, Labieniec-Watala M, Wolska N, **Kassassir H**, Watala C. *Int J Mol Sci*, 2021 Aug 28;22(17):9332. doi: 10.3390/ijms22179332
31. Targeting SIRT2 Sensitizes Melanoma Cells to Cisplatin via an EGFR-Dependent Mechanism. **Karwaciak I, Salkowska A, Karaś K, Dastych J, Ratajewski M**. *Int J Mol Sci*, 2021 May 10;22(9):5034. doi: 10.3390/ijms22095034
32. Carborane- or Metallacarborane-Linked Nucleotides for Redox Labeling. Orthogonal Multipotential Coding of all Four DNA Bases for Electrochemical Analysis and Sequencing. Kodr D, Yenice CP, Simonova A, **Saftić DP**, Pohl R, Sýkorová V, Ortiz M, Havran L, Fojta M, **Lesnikowski ZJ**, O'Sullivan CK, Hocek M. *J Am Chem Soc*, 2021 May 12;143(18):7124-7134. doi: 10.1021/jacs.1c02222
33. Prognostic Value of Resistance Proteins in Plasma Cells from Multiple Myeloma Patients Treated with Bortezomib-Based Regimens. Robak P, Szemraj J, Mikulski D, Drozd I, Juszcak K, **Jarych D**, Misiewicz M, Kościelny K, Fendler W, Robak T. *J Clin Med*. 2021 Oct 28;10(21):5028. doi: 10.3390/jcm10215028
34. Pretreatment Serum Levels of IL-1 Receptor Antagonist and IL-4 Are Predictors of Overall Survival in Multiple Myeloma Patients Treated with Bortezomib. Mikulski D, Robak P, Perdas E, Węglowska E, Łosiewicz A, Drózd I, **Jarych D**, Misiewicz M, Szemraj J, Fendler W, Robak T. *J Clin Med*, 2021 Dec 26;11(1):112. doi: 10.3390/jcm11010112.
35. Neuromedin U induces an invasive phenotype in CRC cells expressing the NMUR2 receptor. **Przygodzka P, Sochacka E, Soboska K**, Pacholczyk M, **Papiewska-Pajak I**, Przygodzki T, Płociński P, Ballet S, De Prins A, **Boncela J**. *J Exp Clin Cancer Res*, 2021 Sep 7;40(1):283. doi: 10.1186/s13046-021-02073-8
36. Structure-Activity Relationship of para-Carborane Selective Estrogen Receptor β Agonists. Sedlák D, Wilson TA, Tjarks W, Radoska HS, Wang H, Kolla JN, **Leśnikowski ZJ**, Špičáková A, Ali T, Ishita K, Rakotondraibe LH, Vibhute S, Wang D, Anzenbacher P, Bennett C, Bartunek P, Coss CC. *J Med Chem*, 2021 Jun 28. doi: 10.1021/acs.jmedchem.1c00555
37. Abdominal aortic aneurysm and virus infection: a potential causative role for cytomegalovirus infection? **Jabłońska A**, Zagraban B, **Paradowska E**, Neumayer C, Eilenberg W, Brostjan C, Klinger M, Nanobachvili J, Huk I. *J Med Virol*, 2021 Aug;93(8):5017-5024. doi: 10.1002/jmv.26901
38. Differential Action of Silver Nanoparticles on ABCB1 (MDR1) and ABCC1 (MRP1) Activity in Mammalian Cell Lines. **Krzyzanowski D**, Kruszewski M, Grzelak A. *Materials (Basel)*, 2021 Jun 18;14(12):3383. doi: 10.3390/ma14123383
39. Antiviral Effect of Nonfunctionalized Gold Nanoparticles against Herpes Simplex Virus Type-1 (HSV-1) and Possible Contribution of Near-Field Interaction Mechanism. **Paradowska E, Studzińska M, Jabłońska A**, Lozovski V, Rusinchuk N, Mukha I, Vitiuk N, **Leśnikowski ZJ**. *Molecules*, 2021 Oct 1;26(19):5960. doi: 10.3390/molecules26195960
40. Phenolics-Rich Extracts of Dietary Plants as Regulators of Fructose Uptake in Caco-2 Cells via GLUT5 Involvement. Zakłós-Szyda M, Pietrzyk N, Kowalska-Baron A, Nowak A, Chałaśkiewicz K, **Ratajewski M**, Budryn G, Koziolkiewicz M. *Molecules*, 2021 Aug 5;26(16):4745. doi: 10.3390/molecules26164745
41. Lsr2 and Its Novel Parologue Mediate the Adjustment of Mycobacterium smegmatis to Unfavorable Environmental Conditions. Kołodziej M, Łebkowski T, **Płociński P**, Hołówka J, Paściak M, Wojtaś B, Bury K, Konieczny I, **Dziadek J**, Zakrzewska-Czerwińska J. *mSphere*. 2021 May 12;6(3):e00290-21. doi: 10.1128/mSphere.00290-21
42. Hyaluronic Acid-Based Nanocapsules as Efficient Delivery Systems of Garlic Oil Active Components with Anticancer Activity. Janik-Hazuka M, Kamiński K, Kaczor-Kamińska M,

- Szafraniec-Szczęśny J, Kmak A, **Kassassir H**, Watała C, Wróbel M, Zapotoczny S. **Nanomaterials** (Basel), 2021 May 20;11(5):1354. doi: 10.3390/nano11051354
43. Recombinant immunotoxin targeting GPC3 is cytotoxic to H446 small cell lung cancer cells. Rodakowska E, **Walczak-Drzewiecka A**, Borowiec M, Gorzkiewicz M, Grzesik J, **Ratajewski M**, **Rozanski M**, **Dastyh J**, Ginalski K, Rychlewski L. **Oncol Lett**, 2021 Mar;21(3):222. doi: 10.3892/ol.2021.12483
 44. Cholesterol-dependent transcriptome remodeling reveals new insight into the contribution of cholesterol to Mycobacterium tuberculosis pathogenesis. **Pawelczyk J**, **Brzostek A**, **Minias A**, **Płociński P**, **Rumijowska-Galewicz A**, Strapagiel D, Zakrzewska-Czerwińska J, **Dziadek J**. **Sci Rep**, 2021 Jun 11;11(1):12396. doi: 10.1038/s41598-021-91812-0
 45. Cobalamin is present in cells of non-tuberculous mycobacteria, but not in Mycobacterium tuberculosis. **Minias A**, **Gašior F**, **Brzostek A**, Jagielski T, **Dziadek J**. **Sci Rep**, 2021 Jun 10;11(1):12267. doi: 10.1038/s41598-021-91430-w
 46. Molecular analysis of Pseudomonas aeruginosa strains isolated from cystic fibrosis patients. **Jarych D**, Augustynowicz-Kopec E, Iwanska A, **Parniewski P**, **Majchrzak M**. **Sci Rep**, 2021 Jul 29;11(1):15460. doi: 10.1038/s41598-021-95034-2
 47. Cyanobacterial cell-wall components as emerging environmental toxicants - detection and holistic monitoring by cellular signaling biosensors. Gaęała-Borowska I, **Karwaciak I**, Jaros D, **Ratajewski M**, Kokociński M, Jurczak T, Remlein B, Rudnicka K, **Pułaski Ł**, Mankiewicz-Boczek J. **Sci Total Environ**, 2021 Oct 9:150645. doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.150645
 48. Nucleocapsid and Spike Proteins of the Coronavirus SARS-CoV-2 Induce IL6 in Monocytes and Macrophages-Potential Implications for Cytokine Storm Syndrome. **Karwaciak I**, **Salkowska A**, **Karaś K**, **Dastyh J**, **Ratajewski M**. **Vaccines** (Basel), 2021 Jan 15;9(1):54. doi: 10.3390/vaccines9010054
 49. Active Benzimidazole Derivatives Targeting the MmpL3 Transporter in Mycobacterium abscessus. Raynaud C, Daher W, Johansen MD, Roquet-Banères F, Blaise M, Onajole OK, Kozikowski AP, Herrmann JL, **Dziadek J**, Gobis K, Kremer L. **ACS Infect Dis**, 2020 Feb 14;6(2):324-337. doi: 10.1021/acsinfecdis.9b00389.
 50. Case Study and Attempt of Treatment of Mycobacteriosis Caused by Mycobacterium avium in a Parental Flock of Meat-Breed Pigeons. Ledwoń A, Miąsko M, Napiórkowska A, Augustynowicz-Kopec E, **Parniewski P**, **Majchrzak M**, Czopowicz M, Adamczyk K, Bonecka J, Szeleszczuk P. **Avian Dis**, 2020 Sep 1;64(3):335-342. doi: 10.1637/aviandiseases-D-19-00148.
 51. [In silico modeling of isoniazid-steroid conjugates interactions with cytochromes P450 of mycobacteria and their bioconversion in vitro by the cells]. Faletrov YV, Gilep KA, Falchevskaya AS, Horetski MS, Panada JV, Andrievskaya EV, Rudaya EV, Frolova NS, **Brzostek A**, **Plocinska R**, Shkumatov VM. **Biomed Khim**. 2020 Sep;66(5):378-385. doi: 10.18097/PBMC20206605378. Russian
 52. Cardiac glycosides with target at direct and indirect interactions with nuclear receptors. **Karaś K**, **Salkowska A**, **Dastyh J**, **Bachorz RA**, **Ratajewski M**. **Biomed Pharmacother**, 2020 Jul;127:110106. doi: 10.1016/j.biopha.2020.110106. Review.
 53. Anticancer Imidazoacridinone C-1311 is Effective in Androgen-Dependent and Androgen-Independent Prostate Cancer Cells. Niemira M, Borowa-Mazgaj B, Bader SB, Moszynska A, **Ratajewski M**, **Karas K**, Kwasniewski M, Kretowski A, Mazerska Z, Hammond EM, Skwarska A. **Biomedicines**, 2020 Sep, 8(9): Article Number: 292 doi: 10.3390/biomedicines8090292
 54. Metallacarborane Complex Boosts the Rate of DNA Oligonucleotide Hydrolysis in the Reaction Catalyzed by Snake Venom Phosphodiesterase. Kaniowski D, Kulik K, Ebenryter-

- Olbińska K, Wielgus E, **Leśnikowski Z**, Nawrot B. **Biomolecules**, 2020 May 5;10(5). pii: E718. doi: 10.3390/biom10050718.
55. Polyphenol Extract from Evening Primrose (*Oenothera paradoxa*) Inhibits Invasion Properties of Human Malignant Pleural Mesothelioma Cells. Chmielewska-Kassassir M, Sobierajska K, Ciszewski WM, Bukowiecka-Matusiak M, Szczesna D, Burzynska-Pedziwiatr I, Wiczkowski W, **Wagner W**, Wozniak LA. **Biomolecules**, 2020 Nov 19;10(11):1574. doi: 10.3390/biom10111574.
 56. (1-4)-Thiodisaccharides as anticancer agents. Part 5. Evaluation of anticancer activity and investigation of mechanism of action. Sarnik J, Gajek A, Toma M, **Pawelczyk J**, **Rykowski S**, **Olejniczak A**, Sliwinski T, Bielski R, Witczak ZJ, Poplawski T: **Bioorg Med Chem Lett**, 2020 Feb 15; 30(4) Article Number: 126904. doi: 10.1016/j.bmcl.2019.126904
 57. Fc-modified HIT-like monoclonal antibody as a novel treatment for sepsis. Gollomp K, Sarkar A, Harikumar S, Seeholzer SH, Arepally GM, Hudock K, Rauova L, **Kowalska MA**, Poncz M. **Blood**. 2020 Mar 5;135(10):743-754. doi: 10.1182/blood.2019002329.
 58. Insulin Reduces the Efficacy of Vemurafenib and Trametinib in Melanoma Cells. Osrodek M, **Rozanski M**, Czyz M. **Cancer Manag Res**, 2020, 12:7231-7250. doi: 10.2147/CMAR.S263767
 59. Components of the Lectin Pathway of Complement in Haematologic Malignancies. **Cedzyński M**, **Świerzko AS**. **Cancers** (Basel), 2020 Jul; 12(7): 1792. Published online 2020 Jul 4. doi: 10.3390/cancers12071792
 60. Factors in Oncogenesis: Viral Infections in Ovarian Cancer. **Pathak S**, Wilczyński JR, **Paradowska E**. 2020 Feb 29;12(3). pii: E561. doi: 10.3390/cancers12030561. Review.
 61. Implications of ABCC4-Mediated cAMP Eflux for CRC Migration. **Kryczka J**, **Sochacka E**, **Papiewska-Pajak I**, **Boncela J**. **Cancers** (Basel), 2020 Nov 27; 12(12): E3547. doi: 10.3390/cancers12123547.
 62. MiRNA-103/107 in Primary High-Grade Serous Ovarian Cancer and Its Clinical Significance. Wilczynski M, **Kielbik M**, Senderowska D, Krawczyk T, Szymanska B, **Klink M**, Bieńkiewicz J, Romanowicz H, Frühauf F, Malinowski A. **Cancers** (Basel), 2020 Sep; 12(9): 2680. Published online 2020 Sep 19. doi: 10.3390/cancers12092680
 63. Hypoxia regulates human mast cell adhesion to fibronectin via the PI3K/AKT signaling pathway. **Pastwińska J**, **Walczak-Drzewiecka A**, Łukasiak M, **Ratajewski M**, **Dastych J**. **Cell Adh Migr**, 2020 Dec;14(1):106-117. doi: 10.1080/19336918.2020.1764690.
 64. Glypican-1 Level Is Elevated in Extracellular Vesicles Released from MC38 Colon Adenocarcinoma Cells Overexpressing Snail. **Papiewska-Pajak I**, **Krzyżanowski D**, Katela M, Rivet R, Michlewska S, **Przygodzka P**, **Kowalska MA**, Brézillon S: **Cells**, 2020 Jun 30, 9, 1585 doi:10.3390/cells9071585
 65. Identification of Novel Molecular Markers of Human Th17 Cells. **Salkowska A**, **Karaś K**, **Karwaciak I**, **Walczak-Drzewiecka A**, Krawczyk M, Sobalska-Kwapis M, **Dastych J**, **Ratajewski M**. **Cells**, 2020 Jul; 9(7): 1611. Published online 2020 Jul 3. doi: 10.3390/cells9071611
 66. PPE51 Is Involved in the Uptake of Disaccharides by Mycobacterium tuberculosis. **Korycka-Machala M**, **Pawelczyk J**, Borówka P, Dziadek B, **Brzostek A**, Kawka M, Bekier A, **Rykowski S**, **Olejniczak AB**, Strapagiel D, Witczak Z, **Dziadek J**.: **Cells**, 2020 Mar 3;9(3). pii: E603. doi: 10.3390/cells9030603.
 67. The Art of Mast Cell Adhesion. **Pastwińska J**, Żelechowska P, **Walczak-Drzewiecka A**, Brzezińska-Błaszczyk E, **Dastych J**. **Cells**, 2020 Dec 11;9(12):E2664. doi: 10.3390/cells9122664.
 68. The Role of Tumor-Associated Macrophages in the Progression and Chemoresistance of Ovarian Cancer. Nowak M, **Klink M**: **Cells**, 2020 May; 9(5): 1299. doi: 10.3390/cells9051299

69. Hypoxia regulates human mast cell adhesion to fibronectin via the PI3K/AKT signaling pathway. **Pastwińska J, Walczak-Drzewiecka A, Łukasiak M, Ratajewski M, Dastyh J: Cell Adh Migr, 2020; May 19, 14: 106–117. doi: 10.1080/19336918.2020.1764690**
70. Associations of Ficolins With Hematological Malignancies in Patients Receiving High-Dose Chemotherapy and Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantations. **Świerzek AS, Michalski M, Sokołowska A, Nowicki M, Szala-Póździej A, Eppa Ł, Mitrus I, Szmigielska-Kapłon A, Sobczyk-Kruszelnicka M, Michalak K, Gołos A, Wierzbowska A, Giebel S, Jamroziak K, Kowalski ML, Brzezińska O, Thiel S, Matsushita M, Jensenius JC, Gajek G, Cedzyński M. Front Immunol, 2020 Jan 28;10:3097. doi: 10.3389/fimmu.2019.03097.**
71. The Influence of the Lectin Pathway of Complement Activation on Infections of the Respiratory System. **Świerzek AS, Cedzyński M. Front Immunol, 2020 Oct 21;11:585243. doi: 10.3389/fimmu.2020.585243. eCollection 2020.**
72. Functional Disassociation Between the Protein Domains of MSMEG_4305 of Mycolicibacterium smegmatis (Mycobacterium smegmatis) in vivo. **Czubat B, Minias A, Brzostek A, Zaczek A, Strus K, Zakrzewska-Czerwinska J, Dziadek J. Front Microbiol, 2020 Aug 19, 11: 2008. doi: 11:2008 10.3389/fmicb.2020.02008**
73. Comprehensive Analysis of ABCG2 Genetic Variation in the Polish Population and Its Inter-Population Comparison. **Słomka M, Sobalska-Kwapis M, Korycka-Machala M, Dziadek J, Bartosz G, Strapagiel D. Genes (Basel), 2020 Oct; 11(10): 1144. Published online 2020 Sep 29. doi: 10.3390/genes11101144**
74. Mannose-binding lectin (MBL) in adult patients with inflammatory bowel disease.. **Bąk-Romaniszyn L, Świerzek AS, Sokołowska A, Durko Ł, Mierzwa G, Szala-Póździej A, Małecka-Panas E, Cedzyński M. Immunobiology, 2020 Jan;225(1):151859. doi: 10.1016/j.imbio.2019.10.008.**
75. Selected factors of the innate immunity in Polish patients suffering from pulmonary tuberculosis. **Sokołowska A, Świerzek AS, Szala-Póździej A, Augustynowicz-Kopeć E, Kozńska M, Niemiec T, Błachnio M, Borkowska-Tatar D, Jensenius JC, Thiel S, Dziadek J, Cedzyński M. Immunobiology, 2020 May, 225: Article Number: UNSP 151905: doi: 10.1016/j.imbio.2020.151905.**
76. Determination of in vitro and in vivo immune response to recombinant cholesterol oxidase from Mycobacterium tuberculosis. **Szulc-Kielbik I, Brzostek A, Gatkowska J, Kielbik M, Klink M. Immunol Lett, 2020 Dec;228:103-111. doi: 10.1016/j.imlet.2020.11.002. Epub 2020 Nov 7.**
77. Association of Polymorphisms of MASP1/3, COLEC10, and COLEC11 Genes with 3MC Syndrome. **Gajek G, Świerzek AS, Cedzyński M. 2020 Aug; 21(15): 5483. Int J Mol Sci, Published online 2020 Jul 31. doi: 10.3390/ijms21155483**
78. The New Model of Snail Expression Regulation: The Role of MRTFs in Fast and Slow Endothelial–Mesenchymal Transition. **Sobierajska K, Ciszewski WM, Macierzynska-Piotrowska E, Klopocka W, Przygodzka P, Karakula M, Pestka K, Wawro ME, Niewiarowska J. 2020 Aug; 21(16): 5875. Int J Mol Sci, Published online 2020 Aug 16. doi: 10.3390/ijms21165875**
79. Transferrin-Bound Doxorubicin Enhances Apoptosis and DNA Damage through the Generation of Pro-Inflammatory Responses in Human Leukemia: **Jedrzejczyk M, Wisniewska K, Kania KD, Marczak A, Szwed M. Cells. Int J Mol Sci, 2020 Dec 10;21(24):9390. doi: 10.3390/ijms21249390.**
80. TLR2 2029C/T and TLR3 1377C/T and -7C/Polymorphisms Are Associated with the Occurrence of Abdominal Aortic Aneurysm. **Jabłońska A, Zagrapan B, Neumayer C, Klinger M, Eilenberg W, Nanobachvili J, Paradowska E, Brostjan C, Huk I. J Immunol, 2020 Jun 1, 204:2900-2909 doi:10.4049/jimmunol.1901014.**

81. The Role of *Yersinia enterocolitica* O:3 Lipopolysaccharide in Collagen-Induced Arthritis. Kasperkiewicz K, Świerzek AS, Przybyła M, Szemraj J, Barski J, Skurnik M, Kałużyński A, Cedzyński M. **J Immunol Res**, 2020 Nov 12;2020:7439506. doi: 10.1155/2020/7439506. eCollection 2020
82. Genomic Insights Into the *Mycobacterium kansasii* Complex: An Update. Jagielski T, Borówka P, Bakula Z, Lach J, Marciniak B, Brzostek A, Dziadek J, Dziurzyński M, Pennings L, van Ingen J, Žolnir-Dovč M, Strapagiel D. **Front Microbiol**, 2020 Jan 15;10:2918. doi: 10.3389/fmicb.2019.02918.
83. Comparative DFT study of inclusion complexes of thymidine-carborane conjugate with beta-cyclodextrin and heptakis (2,6-O-dimethyl)-beta-cyclodextrin in water. Ignaczak A, Orszanski L, Adamiak M, Olejniczak AB. **J Mol Liq**, 2020 Oct 1; 315: Article Number: 113767 doi: 10.1016/j.molliq.2020.113767
84. Synthesis of naphthalimide-carborane and metallacarborane conjugates: Anticancer activity, DNA binding ability. Nekvinda J, Różycka D, Rykowski S, Wyszko E, Fedoruk-Wyszomirska A, Gurda D, Orlicka-Płocka M, Giel-Pietraszuk M, Kiliszek A, Rypniewski W, Bachorz R, Wojcieszak J, Grüner B, Olejniczak AB. **Bioorg Chem**, 2020 Jan; 94:103432. doi: 10.1016/j.bioorg.2019.103432.
85. Comparative study of the effects of ortho-, meta- and para-carboranes (C₂B₁₀H₁₂) on the physicochemical properties, cytotoxicity and antiviral activity of uridine and 2'-deoxyuridine boron cluster conjugates. Saftić D, Studzińska M, Paradowska E, Piantanida I, Baranović G, Bialek-Pietras M, Leśnikowski ZJ. **Bioorg Chem**. 2020 Jan;94:103466. doi: 10.1016/j.bioorg.2019.103466.
86. Insight into the expression of toll-like receptors 2 and 4 in patients with abdominal aortic aneurysm. Jabłońska A, Neumayer C, Bolliger M, Burghuber C, Klinger M, Demyanets S, Nanobachvili J, Huk I. **Mol Biol Rep**, 2020 Apr;47(4):2685-2692. doi: 10.1007/s11033-020-05366-x.
87. Insight into the expression of RIG-I-like receptors in human third trimester placentas following ex vivo cytomegalovirus or vesicular stomatitis virus infection. Jabłońska A, Świerzek AS, Studzińska M, Suski P, Kalinka J, Leśnikowski ZJ, Cedzyński M, Paradowska E. **Mol Immunol**, 2020;126:143-152, October doi:10.1016/j.molimm. 2020.08.001
88. Synthesis, Internalization and Visualization of N-(4-Carbomethoxy) Pyrrolidone Terminated PAMAM [G5:G3-TREN] Tecto(dendrimers) in Mammalian Cells. Studzian M, Działak P, Pułaski Ł, Hedstrand DM, Tomalia DA, Klajnert-Maculewicz B. **Molecules**, 2020 Oct; 25(19): 4406. Published online 2020 Sep 25. doi: 10.3390/molecules25194406
89. Molecular basis for DNA repair synthesis on short gaps by mycobacterial Primase-Polymerase C Brissett NC, Zabradny K, Płociński P, Bianchi J, Korycka-Machala M, Brzostek A, Dziadek J, Doherty AJ. **Nat Commun**. 2020; 11: 4196. Published online 2020 Aug 21. doi: 10.1038/s41467-020-18012-8
90. Nitroxide Radical-Containing Redox Nanoparticles Protect Neuroblastoma SH-SY5Y Cells against 6-Hydroxydopamine Toxicity. Pichla M, Pułaski Ł, Kania KD, Stefaniuk I, Cieniek B, Pieńkowska N, Bartosz G, Sadowska-Bartosz I. **Oxid Med Cell Longev**, 2020 Apr 24;2020:9260748. doi: 10.1155/2020/9260748. eCollection 2020.
91. Novel Isoniazid-Carborane Hybrids Active in Vitro Against *Mycobacterium tuberculosis*. Różycka D, Korycka-Machala M, Żaczek A, Dziadek J, Gurda D, Orlicka-Płocka M, Wyszko E, Biniek-Antosiak K, Rypniewski W, Olejniczak AB. **Pharmaceuticals (Basel)**, 2020 Dec 15;13(12):465. doi: 10.3390/ph13120465.
92. Laccase activity of the ascomycete fungus *Nectriella pironii* and innovative strategies for its production on leaf litter of an urban park. Góralczyk-Bińkowska A, Jasińska A, Długoński A, Płociński P, Długoński J: **PLoS One**, 2020; 15(4): e0231453. 2020 Apr 16. doi: 10.1371/journal.pone.0231453

93. Associations of ficolins and mannose-binding lectin with acute myeloid leukaemia in adults. **Sokołowska A, Świerzek AS, Gajek G, Gołos A, Michalski M, Nowicki M, Szala-Poździej A, Wolska-Washer A, Brzezińska O, Wierzbowska A, Jamroziak K, Kowalski ML, Thiel S, Matsushita M, Jensenius JC, Cedzyński M. *Sci Rep*, 2020; 10: 10561. Published online 2020 Jun 29. doi: 10.1038/s41598-020-67516-2**
94. Subspecies-specific sequence detection for differentiation of Mycobacterium abscessus complex. **Minias A, Żukowska L, Lach J, Jagielski T, Strapagiel D, Kim S-Y, Koh W-J, Adam H, Bittner R, Truden S, Žolnir-Dovč M, Dziadek J. 2020; 10: 16415. Published online, *Sci Rep*, 2020 Oct 2. doi: 10.1038/s41598-020-73607-x**
95. TLR4 896A/G and TLR9 1174G/A polymorphisms are associated with the risk of infectious mononucleosis. **Jabłońska A, Studzińska M, Szenborn L, Wiśniewska-Ligier M, Karlikowska-Skwarnik M, Gęsicki T, Paradowska E. *Sci Rep*, 2020; 10: 13154. Published online 2020 Aug 4. doi: 10.1038/s41598-020-70129-4**
96. Characterization of an induced pluripotent stem cell line (IMBPASi001-A) derived from fibroblasts of a patient affected by Wolfram Syndrome. **Grzela D, Marciniak B, Pulaski L: *Stem Cell Res*, 2020, 46: 101858**
97. SARS-CoV-2 Proteins Induce IFNG in Th1 Lymphocytes Generated from CD4+ Cells from Healthy, Unexposed Polish Donors. **Salkowska A, Karwaciak I, Karaś K, Dastyh J, Ratajewski M. *Vaccines (Basel)* 2020 Nov 12;8(4):673. doi: 10.3390/vaccines8040673.**
98. Detection and genotyping of CMV and HPV in tumors and fallopian tubes from epithelial ovarian cancer patients. **Paradowska E, Jabłońska A, Studzińska M, Wilczyński M, Wilczyński JR: *Sci Rep*, 2019 Dec 27;9(1):19935. doi: 10.1038/s41598-019-56448-1.**
99. Differentiation of *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* using PCR MP (PCR melting profile) and VNTR (variable number of tandem repeat) methods. **Żaczek A, Struś K, Sokołowska A, Parniewski P, Wojtasik A, Dziadek J. *Lett Appl Microbiol.* 2019 Jan;68(1):24-30. doi: 10.1111/lam.13081.**
100. Ciprofloxacin, amoxicillin, and aminoglycosides stimulate genetic and phenotypic changes in uropathogenic *Escherichia coli* strains. **Adamus-Białek W, Wawszczak M, Arabski M, Majchrzak M, Gulba M, Jarych D, Parniewski P, Głuszek S. *Virulence.* 2019 Jan;10(1):260-276. doi: 10.1080/21505594.2019.1596507**
101. Calcium Dyshomeostasis Alters CCL5 Signaling in Differentiated PC12 Cells. **Radzik T, Boczek T, Ferenc B, Studzian M, Pulaski L, Zylinska L. *Biomed Res Int.* 2019 Mar 26;2019:9616248. doi: 10.1155/2019/9616248. eCollection 2019.**
102. Digoxin, an Overlooked Agonist of ROR gamma/ROR gamma T. **Karas K, Salkowska A, Sobalska-Kwapis M, Walczak-Drzewiecka A, Strapagiel D, Dastyh J, Bachorz RA, Ratajewski M. *Front Pharmacol* 2019 Jan 7;9: Article Number: 01460. doi: 10.3389/fphar.2018.01460.**
103. Differentiated mitochondrial function in mouse 3T3 fibroblasts and human epithelial or endothelial cells in response to chemical exposure. **Boncler M, Lukasiak M, Dastyh J, Golanski J, Watala C. *Basic Clin Pharmacol Toxicol.* 2019 Feb;124(2):199-210. doi: 10.1111/bcpt.13117**
104. EP300-HDAC1-SWI/SNF functional unit defines transcription of some DNA repair enzymes during differentiation of human macrophages. **Pietrzak J, Płoszaj T, Pulaski Ł, Robaszkiewicz A. *Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech.* 2019 Feb;1862(2):198-208. doi: 10.1016/j.bbagr.2018.10.019.**
105. 3-bromopyruvate induces expression of antioxidant genes. **Pulaski Ł, Jatczak-Pawlik I, Sobalska-Kwapis M, Strapagiel D, Bartosz G, Sadowska-Bartosz I. *Free Radic Res.* 2019 Feb;53(2):170-178. doi: 10.1080/10715762.2018.154117**

106. Synthesis of boron cluster analogs of penicillin and their antibacterial activity. Rozycka D, **Lesnikowski ZJ, Olejniczak AB**. *J Organomet Chem* 2019 Feb 15;881:19-24. doi: 10.1016/j.jorganchem.2018.11.037
107. Regulation of miRNAs by Snail during epithelial-to-mesenchymal transition in HT29 colon cancer cells. **Przygodzka P, Papiewska-Pajak I**, Bogusz-Koziarska H, Sochacka E, **Boncela J, Kowalska MA**. *Sci Rep*. 2019 Feb 15;9(1):2165. doi: 10.1038/s41598-019-39200-7
108. Factors involved in initiation and regulation of complement lectin pathway influence postoperative outcome after pediatric cardiac surgery involving cardiopulmonary bypass. **Michalski M**, Pagowska-Klimek I, Thiel S, **Świerzko AS**, Hansen AG, Jensenius JC, **Cedzyński M**. *Sci Rep*. 2019 Feb 27;9(1):2930. doi: 10.1038/s41598-019-39742-w.
109. Cathepsin B Is Upregulated and Mediates ECM Degradation in Colon Adenocarcinoma HT29 Cells Overexpressing Snail. **Kryczka J, Papiewska-Pajak I, Kowalska MA, Boncela J**. *Cells*. 2019 Feb 27;8(3). pii: E203. doi: 10.3390/cells8030203.
110. Fludarabine-Specific Molecular Interactions with Maltose-Modified Poly(propyleneimine) Dendrimer Enable Effective Cell Entry of the Active Drug Form: Comparison with Clofarabine. Gorzkiewicz M, Deriu MA, Studzian M, Janaszewska A, Grasso G, **Pułaski Ł**, Appelhans D, Danani A, Klajnert-Maculewicz B. *Biomacromolecules*. 2019 Mar 11;20(3):1429-1442. doi: 10.1021/acs.biomac.9b00010,
111. EU-OPENSREEN: A Novel Collaborative Approach to Facilitate Chemical Biology. Brennecke P, Rasina D, Aubi O, Herzog K, Landskron J, Cautain B, Vicente F, Quintana J, Mestres J, Stechmann B, Ellinger B, Brea J, Kolanowski JL, Pilarski R, Orzaez M, Pineda-Lucena A, Laraia L, Nami F, Zielenkiewicz P, Paruch K, Hansen E, von Kries JP, Neuenschwander M, Specker E, Bartunek P, Simova S, **Leśnikowski Z**, Krauss S, Lehtiö L, Bilitewski U, Brönstrup M, Taskén K, Jirgensons A, Lickert H, Clausen MH, Andersen JH, Vicent MJ, Genilloud O, Martinez A, Nazaré M, Fecke W, Gribbon P. *SLAS Discov*. 2019 Mar;24(3):398-413. doi: 10.1177/2472555218816276.
112. Platelet Factor 4 Attenuates Experimental Acute Liver Injury in Mice. Drescher HK, Brandt EF, Fischer P, Dreschers S, Schwendener RA, **Kowalska MA**, Canbay A, Wasmuth HE, Weiskirchen R, Trautwein C, Berres ML, Kroy DC, Sahin H. *Front Physiol*. 2019 Mar 26;10:326. doi: 10.3389/fphys.2019.00326. eCollection 2019.
113. Interactions of ficolin-3 with ovarian cancer cells. **Michalski M, Świerzko AS**, Sawicki S, Kałużyński A, Łukasiewicz J, Maciejewska A, Wydra D, **Cedzyński M**. *Immunobiology*. 2019 Mar;224(2):316-324. doi: 10.1016/j.imbio.2019.01.002.
114. The Potential Role of iNOS in Ovarian Cancer Progression and Chemoresistance. **Kielbik M, Szulc-Kielbik I, Klink M**. *Int J Mol Sci*. 2019 Apr 9;20(7). pii: E1751. doi: 10.3390/ijms20071751. Review.
115. Epithelial (E)-Cadherin is a Novel Mediator of Platelet Aggregation and Clot Stability. Scanlon VM, Teixeira AM, Tyagi T, Zou S, Zhang PX, Booth CJ, **Kowalska MA**, Bao J, Hwa J, Hayes V, Marks MS, Poncz M, Krause DS. *Thromb Haemost*. 2019 May;119(5):744-757. doi: 10.1055/s-0039-1679908.
116. Two-component kinase TrcS complements Mycobacterium smegmatis mtrB kinase mutant. Sarva K, Satsangi AT, **Plocinska R**, Madiraju M, Rajagopalan M. *Tuberculosis (Edinb)*. 2019 May;116S:S107-S113. doi: 10.1016/j.tube.2019.04.017.
117. SIRT2 Contributes to the Resistance of Melanoma Cells to the Multikinase Inhibitor Dasatinib. **Karwaciak I, Salkowska A**, Karaś K, Sobalska-Kwapis M, **Walczak-Drzewiecka A, Pułaski Ł**, Strapagiel D, **Dastyh J, Ratajewski M**. *Cancers (Basel)*. 2019 May 14;11(5). pii: E673. doi: 10.3390/cancers11050673.
118. Comparative study of inorganic, boron-rich cluster and organic, phenyl adenosine modifications: synthesis and properties. Mieczkowski A, **Kierozalska A, Bialek-Pietras M**,

- Goszczyński TM, **Janczak S, Olejniczak AB, Studzińska M, Paradowska E, Leśnikowski ZJ. Future Med Chem.** 2019 Jun; 11(11):1267-1284. doi: 10.4155/fmc-2018-0517.
119. Screening methods for detection of ancient Mycobacterium tuberculosis complex fingerprints in next-generation sequencing data derived from skeletal samples. Borówka P, **Pułaski Ł**, Marciniak B, Borowska-Strugińska B, **Dziadek J**, Żądzińska E, Lorkiewicz W, Strapagiel D. **Gigascience.** 2019 Jun 1;8(6). pii: giz065. doi: 10.1093/gigascience/giz065.
 120. Proteomic and transcriptomic experiments reveal an essential role of RNA degradosome complexes in shaping the transcriptome of Mycobacterium tuberculosis. **Płociński P**, Macios M, Houghton J, Niemiec E, **Płocińska R, Brzostek A**, Słomka M, **Dziadek J**, Young D, Dziembowski A. **Nucleic Acids Res.** 2019 Jun 20;47(11):5892-5905. doi: 10.1093/nar/gkz251.
 121. Targeting DNA repair systems in antitubercular drug development. **Minias A, Brzostek A, Dziadek J. Curr Med Chem.** 2019;26(8):1494-1505. doi: 10.2174/0929867325666180129093546. Review.
 122. Adenosine analogues as opposite modulators of the cisplatin resistance of ovarian cancer cells. **Bednarska-Szczepaniak K, Krzyżanowski D, Klink M**, Nowak M. **Anticancer Agents Med Chem.** 2019;19(4):473-486. doi: 10.2174/1871520619666190118113201.
 123. Naturally Occurring Nervonic Acid Ester Improves Myelin Synthesis by Human Oligodendrocytes. Lewkowicz N, Piątek P, Namiecińska M, Domowicz M, Bonikowski R, Szemraj J, **Przygodzka P**, Stasiołek M, Lewkowicz P. **Cells.** 2019 Jul 29;8(8). pii: E786. doi: 10.3390/cells8080786
 124. Mitochondrial DNA variability of the Polish population. Jarczak J, Grochowalski Ł, Marciniak B, Lach J, Słomka M, Sobalska-Kwapis M, Lorkiewicz W, **Pułaski Ł**, Strapagiel D. **Eur J Hum Genet.** 2019 Aug;27(8):1304-1314. doi:10.1038/s41431-019-0381-x.
 125. TUBB4B Downregulation Is Critical for Increasing Migration of Metastatic Colon Cancer Cells. Sobierajska K, Ciszewski WM, Wawro ME, Wiczorek-Szukała K, **Boncela J, Papiewska-Pajak I**, Niewiarowska J, **Kowalska MA.** **Cells.** 2019 Aug 1;8(8). pii: E810.
 126. Editorial: The Role of Complement in Health and Disease. **Cedzyński M**, Thielens NM, Mollnes TE, Vorup-Jensen T. **Front Immunol.** 2019 Aug 7;10:1869. doi: 10.3389/fimmu.2019.01869.
 127. A Small Peptide in the Big World of Cancer. **Przygodzka P**, Soboska K, Sochacka E, **Boncela J.** **Neuromedin U Cancers (Basel).** 2019 Sep 5;11(9). pii: E1312. doi: 10.3390/cancers11091312. Review.
 128. Numerical interpretation of TRS-PCR profiling results for Escherichia coli strains isolated from patients with bacteriuria in Lodz region, Poland. **Majchrzak M, Kubiak-Szeligowska AB, Jarych D, Parniewski P.** **Mol Biol Rep.** 2019 Jun 25. doi: 10.1007/s11033-019-04932-2. [Epub ahead of print]
 129. 1Hbenzo [d] imidazole derivatives affect MmpL3 in Mycobacterium tuberculosis. **Korycka-Machala M**, Viljoen A, **Pawelczyk J**, Borówka P, Dziadek B, Gobis K, **Brzostek A**, Kawka M, Blaise M, Strapagiel D, Kremer L, **and Dziadek J.****Antimicrob Agents Chemother.** 2019 Jul 22. pii: AAC.00441-19. doi: 10.1128/AAC.00441-19. [Epub ahead of print]
 130. Direct measurement of kinetic parameters of ABCG2-dependent transport of natural flavonoids using a fluorogenic substrate. Rozanski M, Studzian M, **Pułaski L.** **J Pharmacol Exp Ther.** 2019 Sep 9. pii: jpet.119.261347. doi: 10.1124/jpet.119.261347. [Epub ahead of print]
 131. Distribution of the CMV glycoprotein gH/gL/gO and gH/gL/pUL128/pUL130/pUL131A complex variants and associated clinical manifestations in infants infected congenitally or postnatally. **Paradowska E, Jabłońska A, Studzińska M**, Kasztelewicz B, Wiśniewska-Ligier M, Dzierżanowska-Fangrat K, Woźniakowska-Gęsicka T, Czech-Kowalska J. **Sci Rep** 2019. 10.1038/s41598-019-52906-y

Wykaz doniesień zjazdowych z wykorzystaniem SPUB

1. **J. Dziadek**: wykład pt. „Choroby infekcyjne wyzwaniem XXI wieku – lekooporna gruźlica”, 3. Kongres "Zdrowie Polaków" pod hasłem „Zdrowie Polaków, zdrowie każdego z nas to największy kapitał i największa inwestycja na przyszłość” 25 i 26 października 2021.
1. **M. Cedzyński**: Gość Specjalny: VI Ogólnopolska Konferencja Doktorantów Nauk o Życiu BioOpen: wykład: „Czynniki specyficzne dla aktywacji dopełniacza na drodze lektynowej u osób chorych na nowotwory hematologiczne” – Księga Abstraktów, 73.
2. **M. Ratajewski**: wykład pt. „The role of sirtuin 2 in the resistance of melanoma cells to anti-cancer drugs.” Oncology Info 2021, Londyn, 26 listopada 2021.
3. **E. Paradowska, K. Kania, D. Haręza, M. Kawecka, D. Jarych, M. Wilczyński, A. Malinowski, J. Wilczyński**. Detection of HPV16 in ovarian cancer and fallopian tube specimens. 34th International Papillomavirus Conference (IPVC 2021) 15-19 listopad 2021. Kanada, Toronto. Konferencja on-line, e- poster.
4. Horoszczuk, A. Kowalczyk, **S. Rykowski, A. B. Olejniczak**, P. Stączek, „Naphthalimide derivatives as topoisomerase II inhibitors in the context of antitumor activity”, The International Medical Congress 21st Century Medicine, 26-27 March, 2021.
5. **S. Rykowski**, D. Gurda-Woźna, M. Orlicka-Płocka, A. Fedoruk-Wyszomirska, M. Giel-Pietraszuk, E. Wyszko, A. Kowalczyk, A. Horoszczuk, P. Stączek, W. Rypniewski, **A. B. Olejniczak**, „4-Substituted naphthalimides modified with carborane cluster- synthesis and their physicochemical and biological properties”, 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021, Łódź.
6. **D. Różycka, M. Denel-Bobrowska**, A. Kowalczyk, P. Stączek, **A. B. Olejniczak**, „Akrydyny modyfikowane klasterem boru – właściwości fizykochemiczne i biologiczne,” 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021, Łódź.
7. M. Kowalczyk, **M. Denel-Bobrowska, A. B. Olejniczak**, G. Młostoń, „Nieoczekiwane obserwacje w trakcie syntezy i testowania aktywności biologicznych nowych soli 1-alkoksy- i 1,3-dialkoksyimidiazoliowych”, 63. Zjazd Naukowy Polskiego Towarzystwa Chemicznego, 13-17 września 2021, Łódź.
8. L. Żukowska, **A. Minias**, D. Zygala, **J. Dziadek**: Mycobacterium tuberculosis lineages involved in outbreaks worldwide, ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021.
9. F. Gąsior, **P. Płociński, J. Dziadek, A. Brzostek**, Determination of the Msmeg_1891 role in response to DNA damage in M. smegmatis. ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021.
10. Lechowicz E. , **Płociński P., Blaszczyk E., Dziadek J.**, The Role of PAP I and PNPase in the Control of tRNAs Maturation in Mycobacterium Tuberculosis” International Conference on Immunology and Microbiology, November 15, 2021.
11. Knast, **A. Minias, J. Dziadek** , The evaluation of the level of natural selection on rpoB gene. ESM Virtual Congress 2021, 28-29.06.2021, konferencja online.
12. D. Zygala, **A. Minias, J. Dziadek**, Evaluation of the influence of natural selection on gyrA and gyrB genes encoding DNA gyrase, ESM 41st Annual Congress (Virtual) 28-29 June 2021.

13. A. Minias, D. Zygała, J. Dziadek, Evaluation of evolutionary patterning as a pipeline for identification of amino acid positions involved in the generation of drug-resistance. 4th Central European Biomedical Congress, 7-9 June 2021.
14. Pułaski Ł "Monovalent anti-ABCG2 antibody derived from 5D3 induces ABCG2 endocytosis", Konferencja „8th FEBS Special Meeting on ATP- Binding Casasette (ABC) Proteins: From Multidrug Resistance to Genetic Disease”- 28.02-08.03. 2020, Innsbruck, Austria:
15. **Bednarska-Szczepaniak K, Kania K, Przelazły E, Klink M, Leśnikowski ZJ.** Anticancer activity of metallacarborane-modified adenine nucleosides in ovarian cancer cell lines. 5th International Conference of Cell Biology, 10-12 May, 2019, Krakow.
16. Lechowicz E., **Płociński P., J. Dziadek.** Badanie roli wybranych białek degradosomu w utrzymaniu równowagi poziomu RNA w komórkach prątków kwasoodpornych. IV Ogólnopolska Mikrobiologiczna Konferencja Naukowa Microbs, 13-14.06.2019, Nałęczów
17. **Leśnikowski Z.J., Kierozalska A., Mieczkowski A, Saftić D., Bednarska B.,** Przygodzki T., Karolczak K., Watała C., **Bialek-Pietras M.,** Goszczyński T.M., **Studzińska M., Paradowska E.,** H. Rao, Zg. Gao, K. A. Jacobson. Comparative study of inorganic (boron cluster) and organic (phenyl) adenosine modifications as adenosine receptors ligands: Synthesis, in silico docking and physicochemical and biological evaluation. 8 th European Conference on Boron Chemistry 24-28th June 2019, Montpellier, France.
18. Łukasiewicz K, Lewkowicz N, **Rumijowska-Galewicz A, Cedzyński M, Świerzko A.** Collectins and ficolins as innate immunity factors in the oral cavity. 8th International Weigl Conference: Human Welfare and Infectious Diseases, 26-28.06.2019, Łódź; Programme and Conference Materials, 104, poster
19. Łukasiewicz K, Lewkowicz N, **Rumijowska-Galewicz A, Cedzyński M, Świerzko A.** Collectins and ficolins as innate immunity factors in the oral cavity. 8th International Weigl Conference: Human Welfare and Infectious Diseases, 26-28.06.2019, Łódź; Programme and Conference Materials, 104, poster
20. **Brzostek A. Płociński P., Płocińska R., Korycka-Machala M., Ciszewska A.,** Gasiar F., **Dziadek J.,** The putative role of mycobacterial RadA and DisA protein sin repair of DNA damages. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
21. Żukowska L. **Minias A.,** Lach, J., Strapagiel D., Jagielski T., Truden S., et al. **.Dziadek J.,** Novel method of identification of *M. abscesus* supsp. Bolleti within *Mycobacterium abscesus* complex. 8th International Weigl Conference: 26-28. 06. 2019, Łódź
22. **Błaszczyk E., Płociński P.,** Lechowicz E., Dziadek B., **Dziadek J.,** Evaluation of Poly(A) polymerase as a potential target for antibiotics. 8th International Weigl Conference: 26-28. 06. 2019, Łódź
23. Czubat B., **Minias A., Dziadek J.,** The influence of envoromental factors on the sythesis and accumulation of vitamin B12 in *M. smegmatis*. 8th International Weigl Conference: 26-28. 06. 2019, Łódź
24. **Gajek G, Cedzyński M,** Chojnacka K, Kasperkiewicz K, Łukasiewicz J, Kobiela P, Domżalska-Popadiuk I, Mazela J, **Świerzko A.** *Escherichia coli* polysaccharide-based test for determination of ficolin-2 concentration in serum. 8th International Weigl Conference: Human Welfare and Infectious Diseases, 26-28.06.2019, Łódź; Programme and Conference Materials, 79, poster
25. Struś K., Żaczek A., **Korycka-Machala M., J. Dziadek.** Functional analysis of mycobatcterial two-component signal transduction systems 6236/6238 of *Mycobacterium smegmatis*. 8th International Weigl Conference, 26-28.06.2019, Łódź.
26. Gąsior F., **Płociński P., Dziadek J., Brzostek A.** Identification of MSMEG_1891 protein involved in repair of DNA damages. 8th International Weigl Conference, 26-28.06.2019, Łódź.

27. Feletrov Y., Andrievskaya E. **Płocińska R., Brzostek A., Dziadek J.**, New steroidal derivatives as probes for study steroidal metabolism of microorganisms., 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
28. Gaśiar F., **Płociński P., Dziadek J., Brzostek A.**, Identification of MSMEG_1891 protein involved in repair of DNA damages. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
29. Kawka M. **Brzostek A., Płocińska R., Płociński P., Kryczka J., Dzitko K., Dziadek B., Dziadek J.**, M. tuberculosis human serum amyloid A interplay and its consequences for both pathogen and host. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
30. **Korycka-Machala et al.** !H-benzo{d}imidazole derivatives target MmpL3 in M. tuberculosis. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
31. Lechowicz E., **Płociński P., Korycka-Machala, R. Płocińska, B. Dziadek, M. Słomka, D. Strapagiel, J. Dziadek:** Deciphering the role of M. tuberculosis RNA modifying enzymes in accommodation to dormancy. 8th International Weigl Conference: 26-28. 06. 2019, Łódź.
32. Lechowicz E., **Płociński P., J. Dziadek.** Deciphering the role of Mycobacterium tuberculosis RNA modifying enzymes in accommodation to dormancy. 8th International Weigl Conference, 26-28.06.2019, Łódź.
33. **Minias A.,** Czubat B., Dziadek J., M. tuberculosis does not synthesize vitamin B12 under various environmental conditions. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
34. **Pawelczyk J., Brzostek A., Płociński P., Dziadek J.** Cholesterol induced changes in M. tuberculosis transcriptome implicate its role in metabolic response during infection and latency. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
35. **Płocińska R., Ambroziak K., Antczak M., Płociński P. Rumijowska Galewicz A., Zaczek A., Strapagiel D., Dziadek J.**, The role of two component regulatory systems in viability of mycobacteria. 8th International Weigl Conference:26-28. 06. 2019, Łódź
36. **Szulc-Kielbik I, Kielbik M, Przygodzka P, Brzostek A, Dziadek J, Klink M.** Mycobacterium tuberculosis requires cholesterol oxidase to disrupt TLR2 signalling in human macrophages. 8th International Weigl Conference „Human welfare and infectious diseases in a new microbiome research era. Microorganisms in industrial and Medical Biotechnology”. Łódź, 26-28 czerwca 2019.
37. **Leśnikowski Z.J.**, POL-OPENSSCREEN: The Polish research infrastructure of open access screening platforms for chemical biology, The 44th FEBS Congress, 6-11 July 2019, Krakow, Poland, EU-OPENSSCREEN Special Session, 8 July 2019
38. **Swierzko A, Michalski M, Sokolowska A, Nowicki M, Szala-Pozdziej A, Eppa Ł, Mitrus I, Szmigielska-Kaplon A, Sobczyk-Kruszelnicka M, Michalak K, Golos A, Wierzbowska A, Giebel S, Jamroziak K, Kowalski M, Brzezinska O, Thiel S, Matsushita M, Jensenius J, Gajek G, Cedzynski M.** Ficolins in patients with haematological malignancies receiving high-dose chemotherapy and autologous haematopoietic stem cell transplantations (auto-HSCT). 17th European Meeting on Complement in Human Disease (EMCHD), 14-17.09.2019, Madrid; Abstracts, 123, poster
39. **Gajek G, Cedzyński M, Chojnacka K, Kasperkiewicz K, Łukasiewicz J, Maciejewska A, Kobiela P, Domzalska-Popadiuk I, Matsushita M, Mazela J, Świerzko A.** E. coli polysaccharide-based time-resolved immunofluorometric assay for determination of serum ficolin-2 concentration as an alternative for "sandwich-type" test. 17th European Meeting on Complement in Human Disease (EMCHD), 14-17.09.2019, Madrid; Abstracts, 119, poster
40. Soboska K., Sochacka E., **Przygodzka P., Boncela J.** Neuromedin U as a potential colorectal cancer microenvironment modulator. Udział w konferencji naukowej „Seed and Soil: Mechanisms of Metastasis”, 06-09 października 2019, Berlin (Niemcy), abstrakt nr 104
41. Sochacka E., Soboska K., **Przygodzka P., Boncela J.** Neuromedin U is implicated in colorectal cancer cells invasiveness. Udział w konferencji naukowej „Seed and Soil: Mechanisms of Metastasis”, 06-09 października 2019, Berlin (Niemcy), abstrakt nr 105

42. **Izabela Papiewska-Pajak, Damian Krzyżanowski, Maria Catella, Romain Rivet, Sylwia Michlewska, Patrycja Przygodzka, M. Anna Kowalska, Stéphane Brézillon.** *Glypican-1 expression is elevated in colon adenocarcinoma extracellular vesicles of MC38 cells overexpressing SNAIL.* Extracellular Vesicles in Health & Disease FSEV-2019 Congress, 14-15. 10. 2019, Nantes, Francja.
43. **Minias A., Czubat B., Dziadek J.** Mycobacterium tuberculosis does not synthesize vitamin B12 under various environmental conditions. International Conference and Expo on Microbiology, 18-19.11.2019, Barcelona, Hiszpania.
44. Czubat B., **Minias A., Dziadek J.** The contribution of MSMEG4305 protein in vitamin B12 biosynthesis in Mycobacterium smegmatis. International Conference and Expo on Microbiology, 18-19.11.2019, Barcelona, Hiszpania.
45. **Brzostek A., Płociński P., Płocińska R., Korycka-Machala M., Ciszewska A., F. Gąsior, Dziadek J.** The mycobacterial RadA and DisA proteins could participate in repair of DNA damages. International Conference and Expo on Microbiology, 18-19.11.2019, Barcelona, Hiszpania.
46. Gąsior F., **Płociński P., Dziadek J., Brzostek A.** Udział białka Msmeg_1891 w odpowiedzi na uszkodzenia DNA u Mycobacterium smegmatis. Makro-kierunki w mikro-biologii, 2.12.2019, Warszawa
47. Lechowicz E., **Płociński P., Dziadek J.** Badanie roli wybranych białek degradosomu RNA Mycobacterium tuberculosis w przystosowaniu do stanu uśpienia metabolicznego. Makro-kierunki w mikro-biologii, 2.12.2019, Warszawa.
48. Żukowska L., **Minias A., J. Lach, T. Jagielski, D. Strapagiel, S.uden, Manca Žolnir-Dovč, Su-Young, Kim, Won-Jung Koh, Heather Adam, Ruth Bittner, Dziadek J.** Różnicowanie kompleksu Mycobacterium abscessus w oparciu o sekwencje DNA specyficzne dla podgatunku. Makro-kierunki w mikro-biologii, 2.12.2019, Warszawa.
49. Kryczka J., **Kryczka J.,** Brzezińska-Lasota E., „Evaluation of selected anticancer properties of disulfiram (DSF) in NSCLC – search for new anticancer therapy”; VI Ogólnopolskie Sympozjum Biomedyczne ESKULAP, 30 listopada 2019, Lublin.
50. Nowak, Janas Ł, Soja M, Głowacka E, Misiek M, **Klink M.** Chemokine expression in patients with ovarian cancer or benign ovarian tumors. “ESGO Annual Meeting”. Ateny, Grecja, 2-5 listopada 2019.
51. **Ratajewski M.** Transcriptomics in the service of anti-cancer therapy. The case of SIRT2 and melanoma. III Krajowa Naukowo-Szkoleniowa Konferencja Biobanków Polskich Badania populacyjne i omiczne a rozwój biobankowania materiału biologicznego, Łódź, 6-8 listopada 2019 r. European Journal Of Translational And Clinical Medicine, 2019; 2 (Suppl. 3):35 Conference Proceedings.

Instytut Biologii Medycznej PAN w związku z sytuacją epidemiczną oraz potrzebami uruchomienia diagnostyki zakażeń koronawirusem SARS-CoV-2, już w marcu 2020 roku wsparł organizację i funkcjonowanie laboratorium wirusologicznego utworzonego w Centrum Kliniczno-Dydaktycznym Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, wykorzystując częściowo aparaturę SPUB, ponieważ diagnostyka w kierunku koronawirusa SARS-CoV-2 wykonywana z zastosowaniem rekomendowanej przez WHO techniki genetycznej, RT-PCR jest najskuteczniejszym sposobem na wykrycie obecności wirusa SARS-CoV-2 w organizmie.

Instytut Biologii Medycznej wraz z firmą Proteon Pharmaceuticals, utworzył we wrześniu 2020 roku w oparciu o laboratoria BSL-3 znajdujące się w budynku Instytutu, Laboratorium Centrum Diagnostyki Molekularnej Patogenów Proteon Pharmaceuticals S.A w Łodzi, które uzyskało akredytację Krajowej Izby Diagnostów Laboratoryjnych i wpisane zostało na listę laboratoriów diagnostycznych COVID-19 prowadzoną przez Ministra Zdrowia.

W marcu 2021 roku uruchomiono genotypowanie wirusów nCov-2 w ramach wspólnego przedsięwzięcia Instytutu Biologii Medycznej PAN, Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego, Proteon Pharmaceuticals S.A. i Uniwersytetu Medycznego w Łodzi.

Zatwierdzony przez:

Prof. dr hab. Jarosława Dziadka
Dyrektora
Instytutu Biologii Medycznej
Polskiej Akademii Nauk

Sporządziła: Anna Obidowska