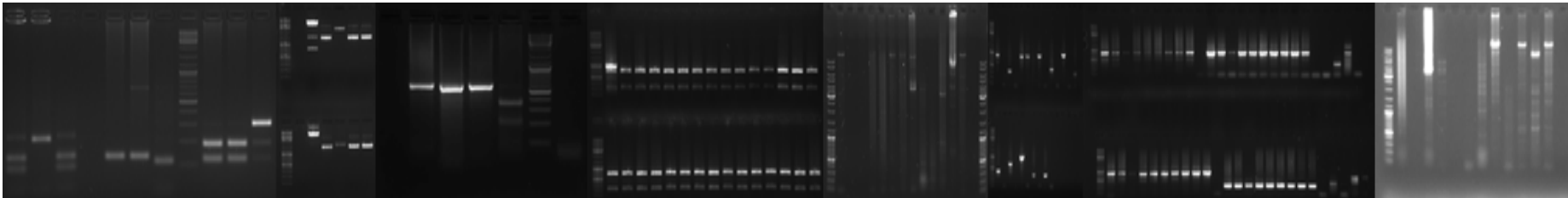
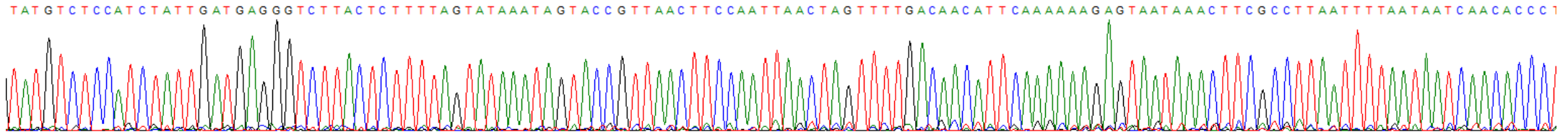
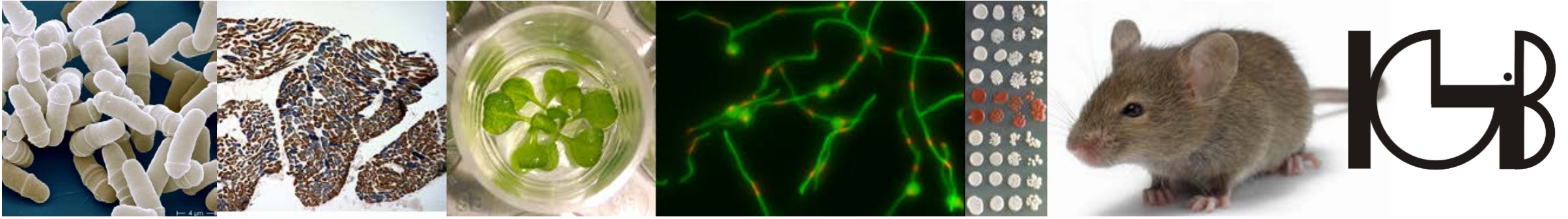


Licencjat w Instytucie Genetyki i Biotechnologii dzień otwarty IGiB – 29 maja 2025

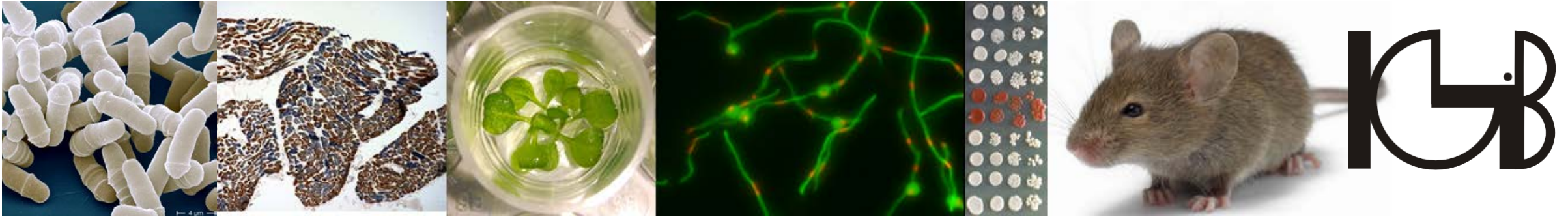


Instytut Genetyki i Biotechnologii
ul. Pawińskiego 5a



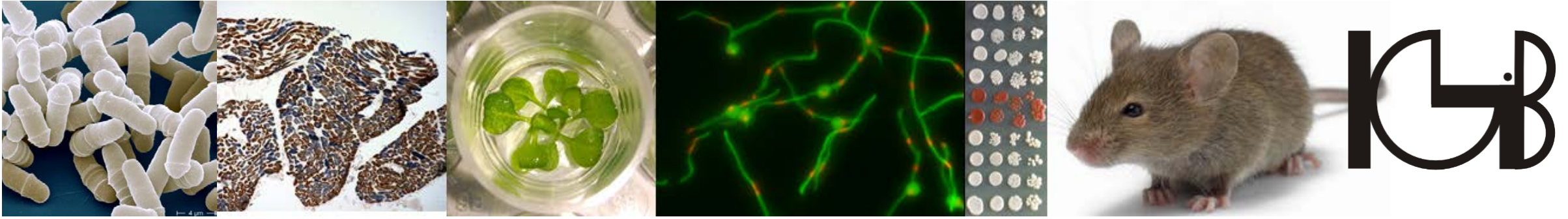
Co oferujemy licencjuszom IGIb?

- 16 tematów prac! - większość prac eksperymentalnych! Teoretyczne, bioinformatyczne, analiza danych
- 9 grup badawczych
- różne modele badawcze
- różne metody badawcze – od podstawowych do bardzo zaawansowanych



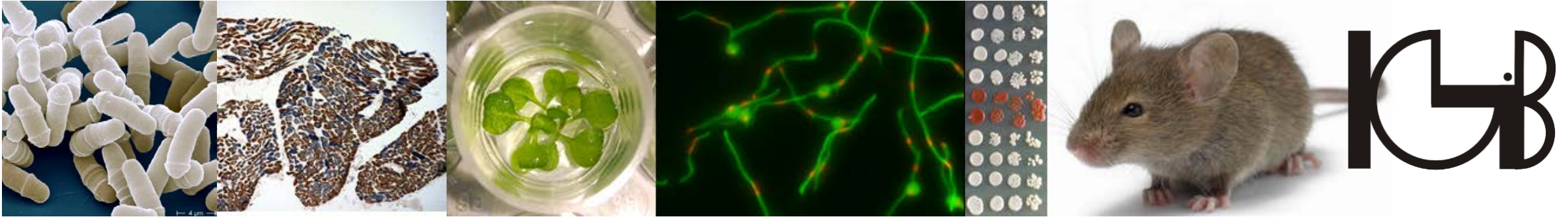
Czego oczekujemy od licencjuszy IGiB?

- zainteresowanie nauką i prowadzeniem badań eksperymentalnych
- entuzjazm i odpowiedzialność
- umiejętność krytycznego myślenia
- dokładność i zaangażowanie w pracę
- kreatywność, rzetelność, obowiązkowość i odpowiedzialność
- umiejętności manualne do pracy w laboratorium i dobra organizacja pracy.
- znajomość języka angielskiego (literatura anglojęzyczna, w Instytucie są osoby nie posługujące się językiem polskim).



Jak zostać licencjuszem w IGiB?

- Zapoznać się z proponowanymi tematami
- Skontaktować się z opiekunem pracy
- **Do 5 czerwca wypełnić formularz rekrutacyjny i przesłać na adres a.dzikowska@uw.edu.pl**
- Czekać na kontakt z naszej strony (około tygodnia)



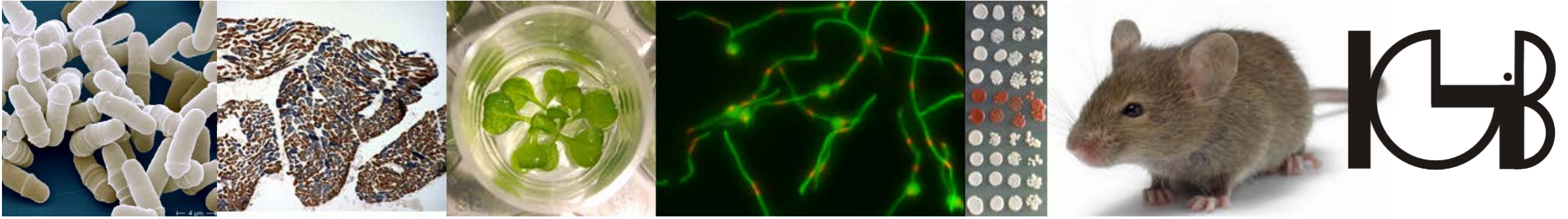
Jak zostać licencjuszem w IGiB? – praktycznie

Formularze zgłoszeniowe znajdują się na stronie IGiB <https://www.igib.uw.edu.pl>

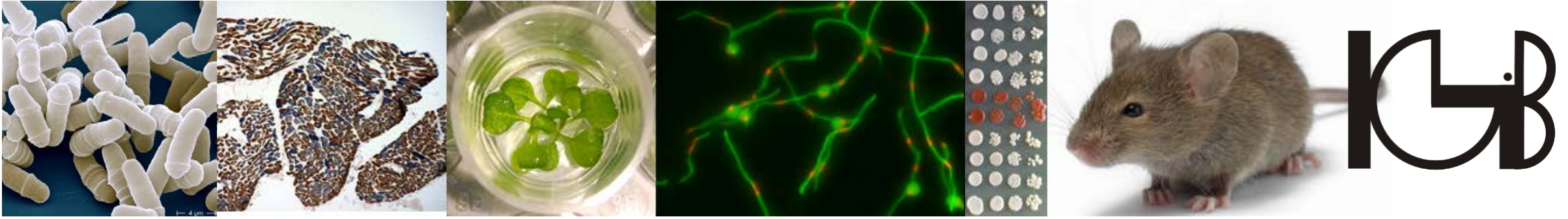
- Lista tematów znajduje się stronie IGiB

<https://docs.google.com/spreadsheets/d/1rf4P5MuB18E-CMmeEujEcu7OX5E-O52JuWfmi9r6vyg/edit?pli=1&gid=0#gid=0>

Na podstawie wyników egzaminu z „Genetyki z inżynierią genetyczną” zostanie stworzona „lista rankingowa chętnych” dla każdego tematu.

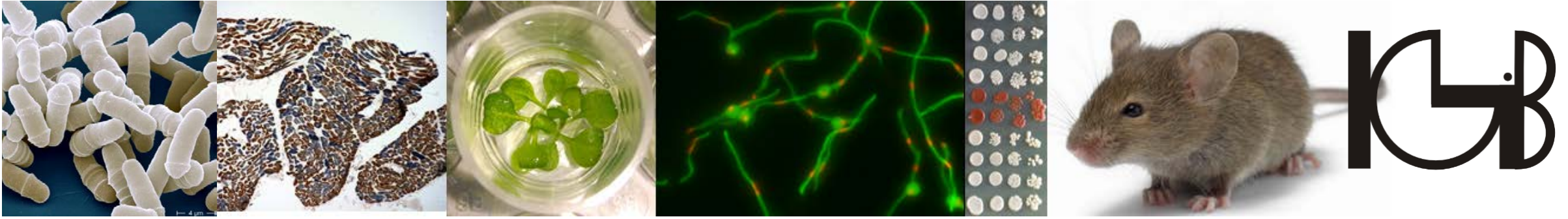


- Osoby, zgłaszające się do dr Darii Zdżalik-Bieleckiej proszone są o podanie oceny z przedmiotu „Biologia komórki”
- Osoby, które uczestniczyły w przedmiocie „Genetyka molekularna” lub „Genetyka człowieka” i chcą, żeby to ocena z tego przedmiotu została uwzględniona w rekrutacji proszone są o przesłanie podanie także tych ocen w formularzu (ocena z „Genetyki człowieka” liczy się tylko w przypadku licencjatu z tego zakresu).
- **Do 12 czerwca** osoby na górze listy będą o tym informowane mailem i proszone o kontakt z opiekunem
- Aby zostać przyjętym do danej grupy badawczej konieczna jest obustronna wola przyszłego licencjusza i opiekuna pracy.
- Jeśli osoba z góry listy nie zdecyduje się, lub nie dogada się z opiekunem, będziemy kontaktować się z kolejną osobą z listy.
- Możliwa jest „dogrywka”



Dodatkowe warunki wykonywania pracy licencjackiej w IGiB

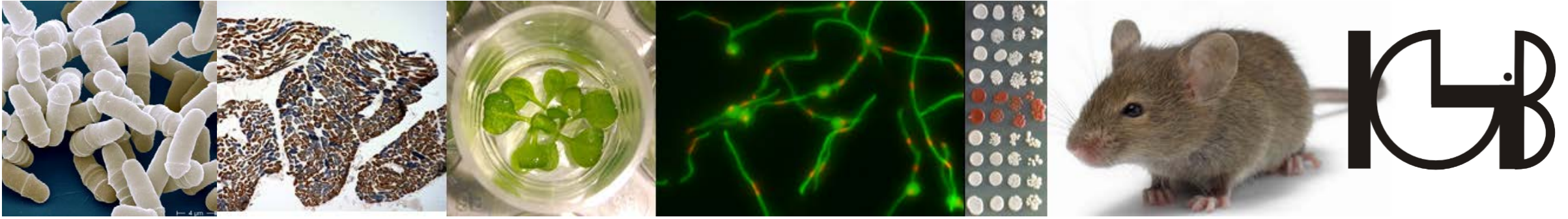
- Zajęcia obowiązkowe dla wszystkich osób robiących licencjat w IGiB: „Genetyka molekularna”
- Jedno obowiązkowe szkolenie późną jesienią
- Seminaria w semestrze letnim
- Zapraszamy na seminaria IGiB 😊
- Inne zależne od promotora: zalecane przedmioty, uczestnictwo w seminariach grupowych itp. – o to warto się spytać!



Zdajemy sobie sprawę, że rozważają Państwo nie tylko IGiB jako miejsce robienia pracy licencjackiej. Jeśli na którymkolwiek etapie uznają Państwo, że jednak nie IGiB, bardzo prosimy o jak najszybsze poinformowanie o tym opiekuna pracy i dr hab. Agnieszkę Dzikowską.

Dadzą Państwo szansę:

- Swoim kolegom na robienie pracy w ich (być może) wymarzonej grupie badawczej
- Opiekunowi tematu na znalezienie nowego członka grupy badawczej
- Nikt nie będzie miał do Państwa żadnych pretensji!



W razie pytań związanych z trybem przyjęć na licencjat prosimy kontaktować się z dr hab. Agnieszką Dzikowską
a.dzikowska@uw.edu.pl

Prezentacja z dzisiejszego spotkania będzie udostępniona na stronie internetowej instytutu
www.igib.uw.edu.pl

Grupa metabolizmu RNA (Kufel Lab)

Prof. dr hab. Joanna Kufel



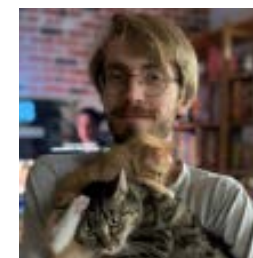
Dr Anna Goliż-Mocydlarz
Dr Monika Zakrzewska-Płaczek
Dr Agnieszka Gozdek
Dr Katarzyna Niedźwiedzka
Dr Michał Marcinkowski
Dr Michał Koper
Dr Magdalena Wrona
Mgr Maria Bożko
Mgr Michał Świrski
Mgr Szymon Krasnodębski
Mgr David Alejandro Fonseca

kontakt: m.zakrzewska-p@uw.edu.pl

strona grupy: <https://kufel.igib.uw.edu.pl/>

Tematyka badawcza

- Wybrane aspekty syntezy, dojrzewania i degradacji różnych klas RNA w drożdżach *S. cerevisiae* i roślinach *A. thaliana*
- Badanie mechanizmów i enzymów ścieżek metabolizmu RNA



Badanie aktywności enzymatycznej białka AtNOL12 z *Arabidopsis thaliana*

praca eksperymentalna

Opiekun

Dr Monika Zakrzewska-Placzek

kontakt: m.zakrzewska-p@uw.edu.pl

Pokój 148 I piętro IGiB

Zapraszam na spotkania indywidualne
po wcześniejszym umówieniu się

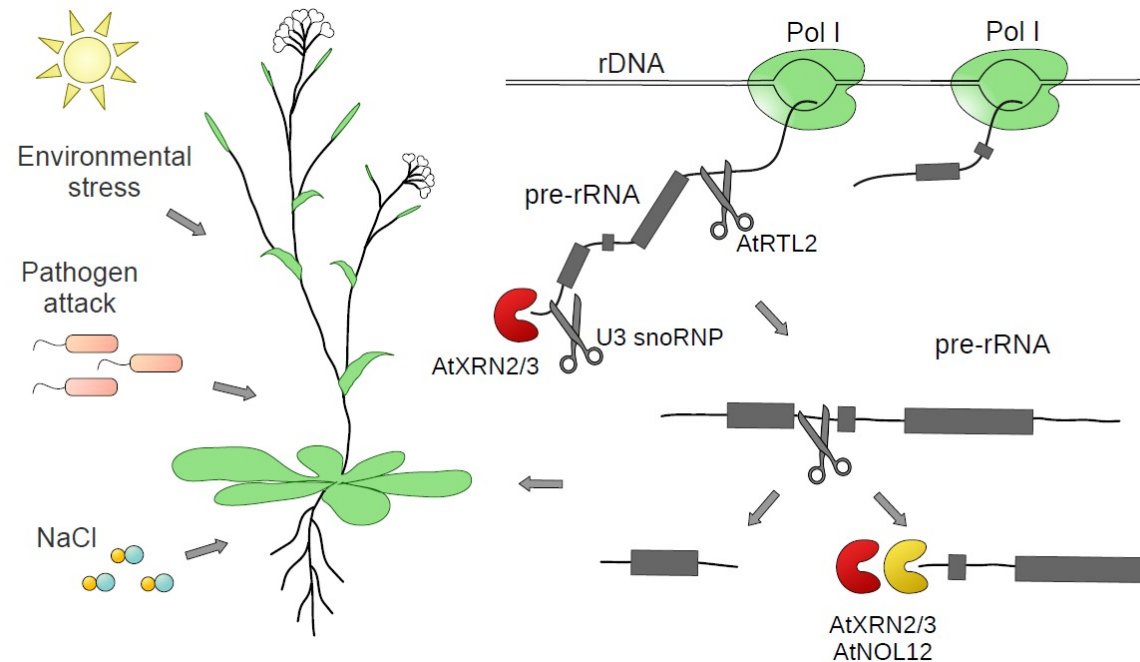
Czego można się nauczyć

- techniki biologii molekularnej:
klonowanie genów, ekspresja heterologiczna, oczyszczanie i badanie aktywności białek, techniki analizy RNA
- poszerzenie wiedzy na temat metabolizmu RNA, w szczególności mechanizmów dojrzewania rRNA u *Arabidopsis*

Literatura:

Zakrzewska-Placzek*, M., Golisz-Mocydlarz, A., Krzyszton, M., Piotrowska, J., Lichocka, M., Kufel, J. (2023) "The nucleolar protein NOL12 is required for 5' end processing of large ribosomal subunit rRNA precursors in *Arabidopsis*." BMC Plant Biol. 2023 Nov 3;23(1):538.

<https://bmcpplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-023-04561-9>



Badanie korelacji pomiędzy DXO1 a NRG1/ADR1 w stresie biotycznym u *Arabidopsis thaliana*.

Praca eksperymentalna (możliwość kontynuowania na pracy magisterskiej)

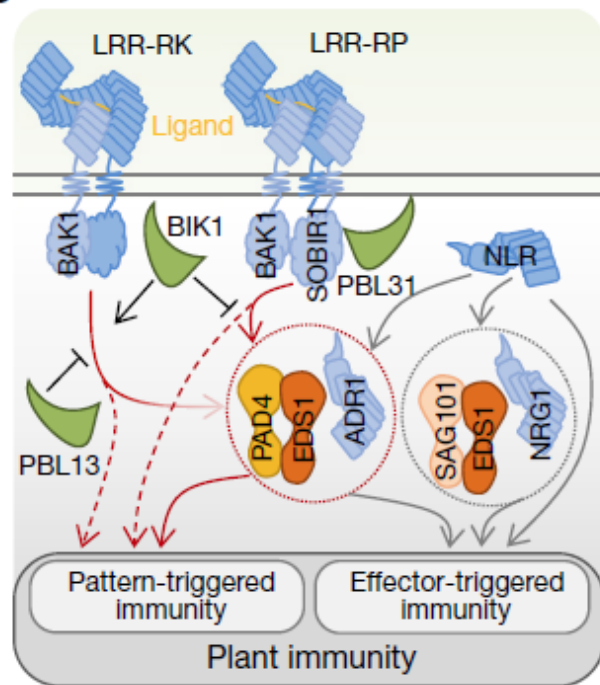
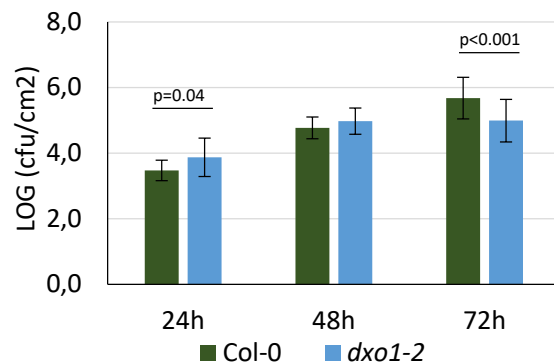
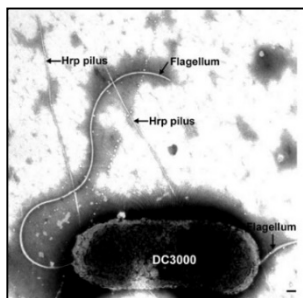
Opiekun **dr Anna Golisz-Mocydlarz**

kontakt: a.golisz@uw.edu.pl

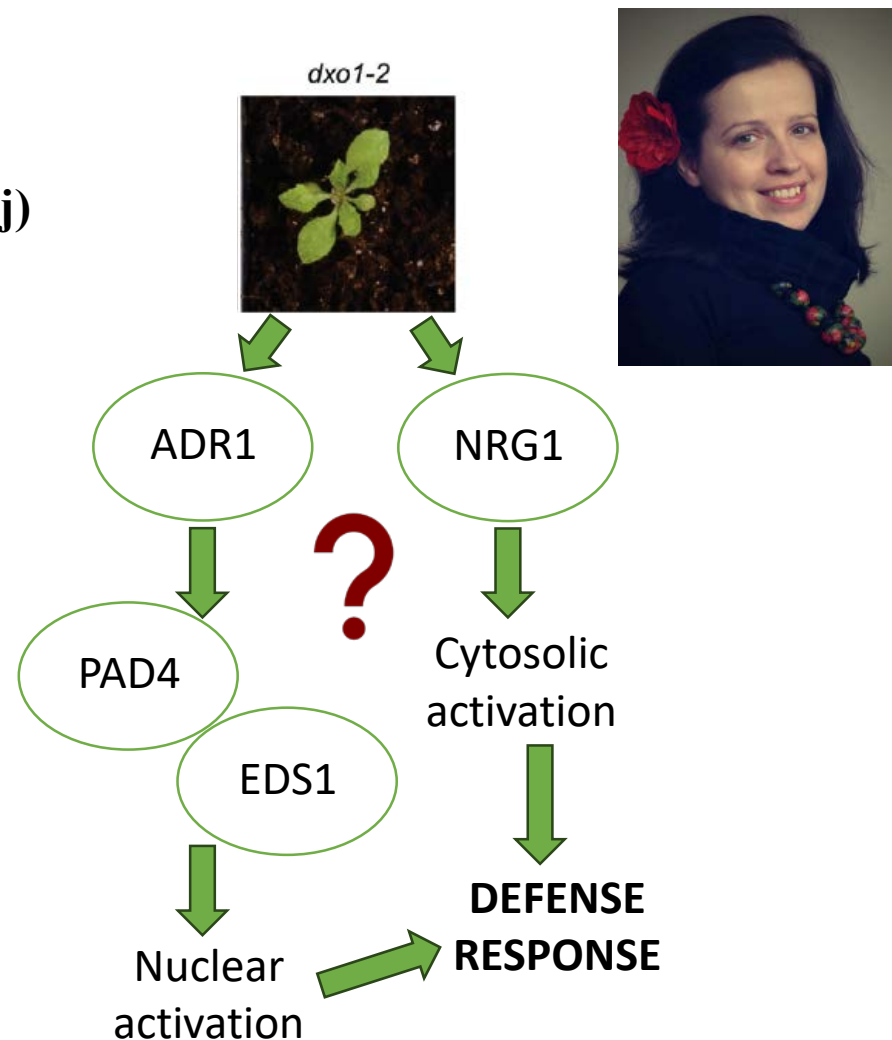
Pokój 145, 146 I piętro IGiB

Zapraszam do kontaktu od 02.06.2025

Pseudomonas syringae pv. *tomato* DC3000



Pruitt et al. 2021 Nature



Czego można się nauczyć:

- pracy laboratoryjnej z materiałem roślinnym
- różnych technik biologii molekularnej
- tworzenia podwójnych linii mutantów



<https://bsppjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mpp.13228>

<https://www.frontiersin.org/journals/plantscience/articles/10.3389/fpls.2021.765003/full>

<https://www.nature.com/articles/s41586-021-03829-0>

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pce.15425>

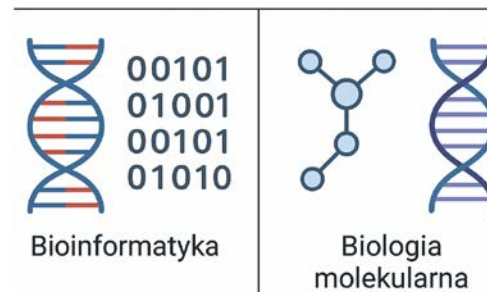
Grupa badania modyfikacji końców 3'RNA

dr inż. Lidia Lipińska-Zubrycka

Julia Tryc - praca magisterska

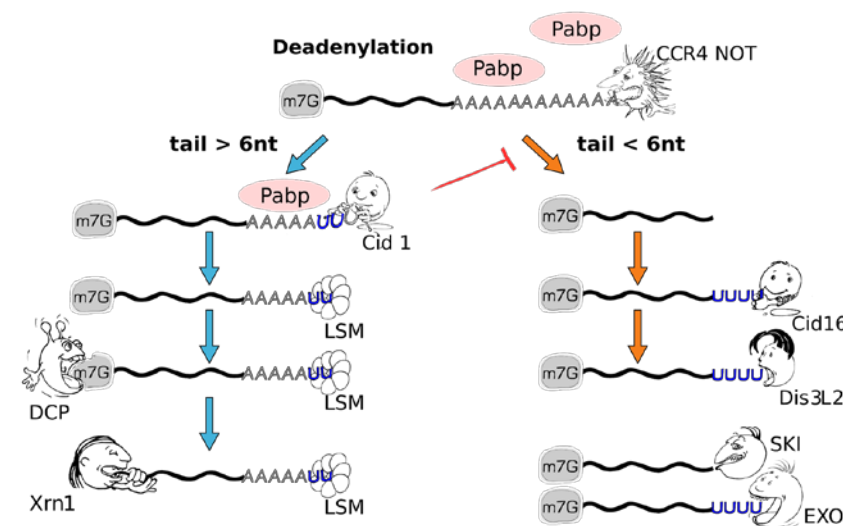
Dominika Burakowska - praca licencjacka

kontakt: l.lipinska-zubrycka@uw.edu.pl
pokój 139, I piętro IGiB



Tematyka badawcza:

- funkcje urydlacji w drożdżach *Schizosaccharomyces pombe*,
- modyfikacje i stabilność mRNA w stanie spoczynku (ang. *quiescence*),
- *S. pombe* jako organizm modelowy do badania etiologii i przebiegu choroby ALS (stwardnienia zanikowego bocznego),
- bioinformatyczna analiza danych różnych organizmów modelowych.



Temat 1: Budowa referencyjnego katalogu końców 3' RNA w komórkach drożdży (praca bioinformatyczna)

Zakres pracy:

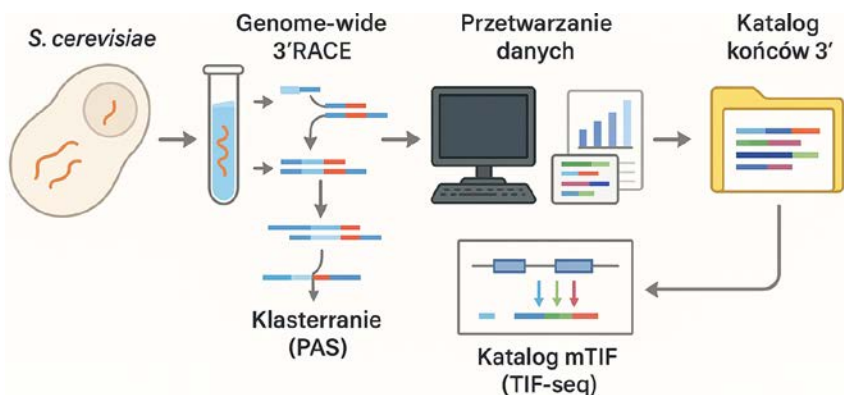
- Stworzenie referencyjnego katalogu końców 3' RNA na podstawie danych z eksperymentu genome-wide 3'RACE.
- Porównanie uzyskanych wyników z istniejącymi adnotacjami mTIF (na podstawie TIF-seq).
- Analiza i wizualizacja danych w językach **Python** i/lub **R**
- Interpretacja rozkładu miejsc poliadenylacji oraz identyfikacja głównych izoform transkryptów

Czego można się nauczyć:

- Praktycznej analizy danych RNA-seq i 3'RACE
- Pracy z narzędziami i skryptami bioinformatycznymi.
- Podstaw biologii transkryptu i procesów poliadenylacji.
- Wizualizacji danych biologicznych.
- Krytycznej interpretacji danych eksperymentalnych.

Oczekiwania wobec kandydata/tki:

Umiejętność pracy w terminalu i podstawowe doświadczenie w pracy z danymi z sekwencjonowania RNA.



Opiekun pracy:
Lidia Lipińska-Zubrycka

Temat 2: Bioinformatyczne podejścia do predykcji stabilności i degradacji RNA (praca teoretyczna)

Zakres pracy:

- Przegląd mechanizmów stabilności i degradacji RNA u eukariontów.
- Krytyczna analiza literatury na temat bioinformatycznych metod predykcji stabilności RNA.
- Przegląd wybranych narzędzi i baz danych
- Porównanie podejść predykcyjnych: opartych na sekwencji, strukturze i uczeniu maszynowym.
- Powiązanie wyników analiz z wiedzą biologiczną.



Opiekun pracy:
Lidia Lipińska-Zubrycka

Czego można się nauczyć:

- Zrozumienia biologicznych procesów regulujących los RNA w komórce.
- Krytycznego czytania i analizy literatury naukowej.
- Orientacji w dostępnych narzędziach bioinformatycznych.
- Łączenia wiedzy biologicznej z podejściami obliczeniowymi.
- Umiejętności pisania przeglądu naukowego.



Zespół czynników transkrypcyjnych w chorobach nowotworowych (międzyinstytucjonalny, multidyscyplinarny, międzynarodowy)

kontakt: t.wilanowski@uw.edu.pl; 22 554 3016



prof. Tomasz Wilanowski
IGiB, WB, UW



dr Tomasz Frączyk
IBB PAN



prof. Katarzyna Wiktorska
SGGW



prof. Monika Ołdak
IFPS, Kajetany



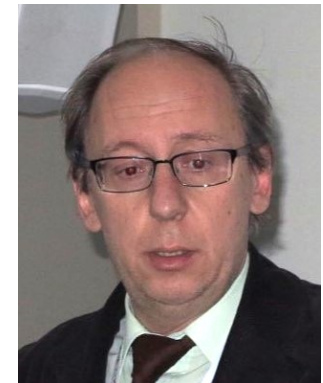
prof. Quan Zhao
Uniwersytet Nankiński
Nankin



dr Sebastian Dworkin
Uniwersytet La Trobe
Melbourne



dr Charbel Darido
Peter MacCallum Cancer Centre
Melbourne



dr Jiří Hatina
Uniwersytet Karola
Pilzno

Zastosowanie suplementów diety do zapobiegania wadom wrodzonym u dzieci na wybranym przykładzie

Praca teoretyczna

Opiekun: prof. dr hab. Tomasz Wilanowski

kontakt: t.wilanowski@uw.edu.pl

22 554 3016

Pokój 18D parter ul. Miecznikowa 1

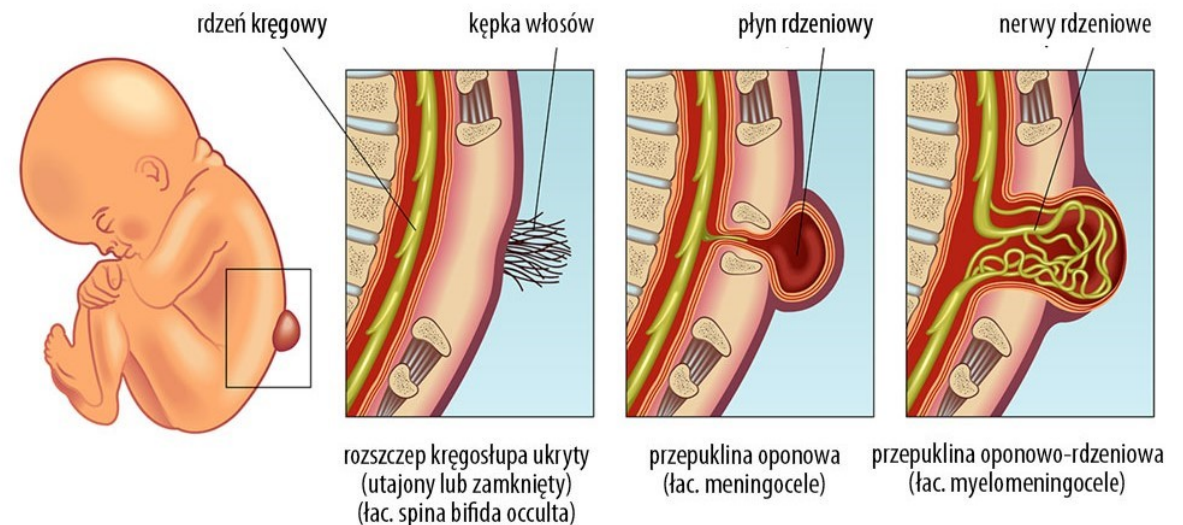
Zapraszam na spotkania indywidualne po wcześniejszym umówieniu się

Czego można się nauczyć

- o przyczynach wad wrodzonych: znaczenie czynników genetycznych i środowiskowych
- jak obniżyć ryzyko ich wystąpienia
- na przykładzie rozszczepu kręgosłupa lub innym, zaproponowanym przez studenta/tkę



Rozszczep kręgosłupa



Problemy proteomiczne w różnych aspektach

Praca eksperymentalna

Opiekun prof. dr hab. Michał Dadlez

kontakt: michald@ibb.waw.pl

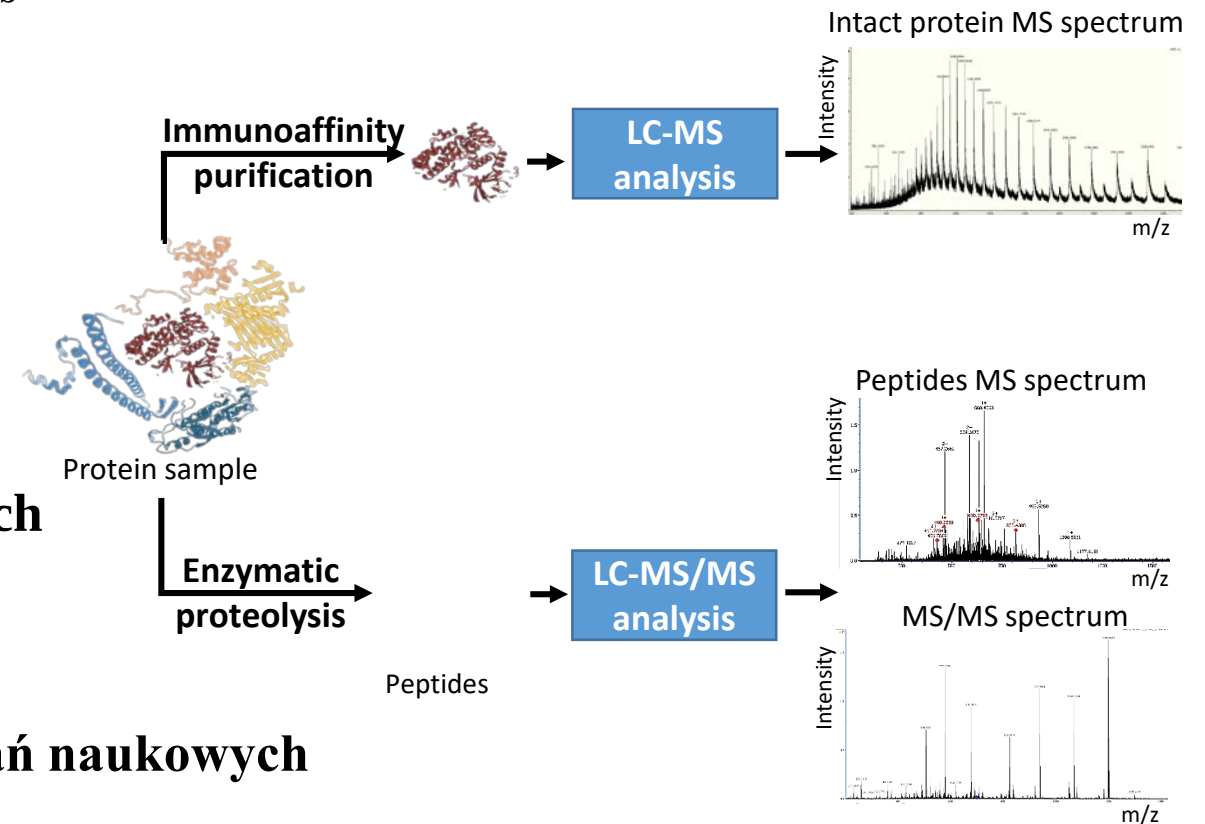
Blok D, pierwsze piętro, pracownia Spektrometrii Mas
Zapraszam na spotkania indywidualne po
wcześniejszym umówieniu się

Czego można się nauczyć

- Działanie chromatografu cieczowego
- Działanie spektrometru mas
- Nowoczesne techniki stosowane w proteomice globalnej i celowanej
- Techniki przygotowania próbek proteomicznych
- Analiza danych wielkoskalowych

Dodatkowe wymagania

- Zainteresowanie technicznymi aspektami badań naukowych
- Umiejętność analitycznego myślenia



Pracownia Spektrometrii Mas - Grupa Metabolomiczna

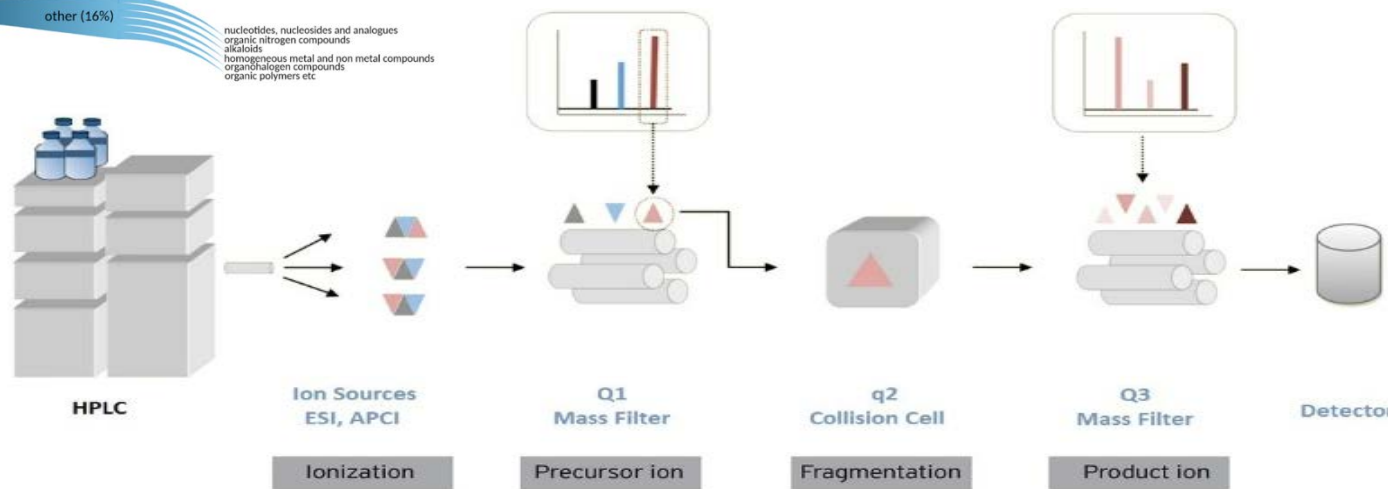
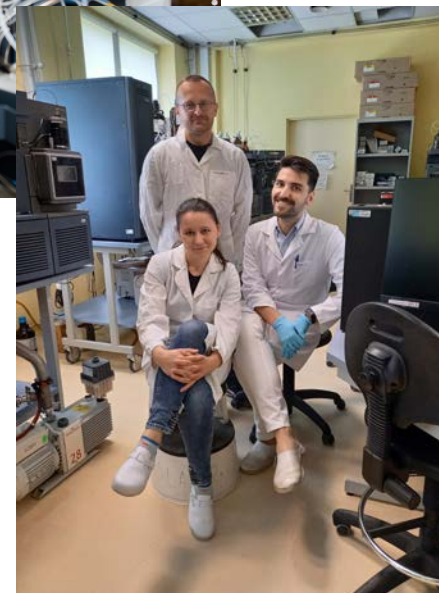
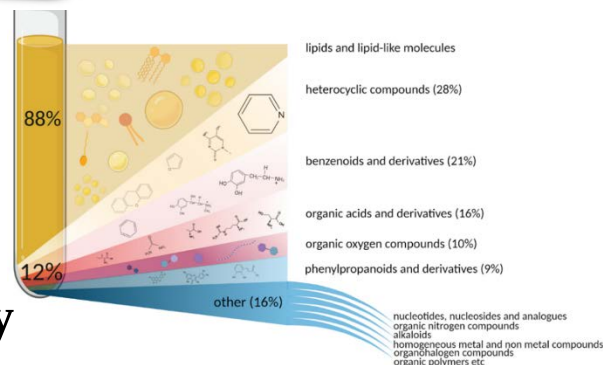
Kierownik grupy: prof. dr hab. Michał Dadlez

Jakub Karczmariski
Emilia Samborowska
Mariusz Radkiewicz

kontakt: ms@ibb.waw.pl

Tematyka badawcza

- Badania farmakokinetyczne leków z terapią monitorowaną
- Analizy metabolomiczne mikroflory bakteryjnej
- Optymalizacja parametrów
- Metabolomicznych metod analitycznych
- Walidacja metod analitycznych
- Analizy globalne metabolomiczne i lipidomiczne



INSTITUTE OF
BIOCHEMISTRY
AND BIOPHYSICS
POLISH ACADEMY
OF SCIENCES

Problemy metabolomiczne w różnych aspektach

Praca eksperymentalna

Opiekun prof. dr hab. Michał Dadlez

kontakt: michald@ibb.waw.pl

Blok D, pierwsze piętro, pracownia Spektrometrii Mas

Zapraszam na spotkania indywidualne po wcześniejszym umówieniu się

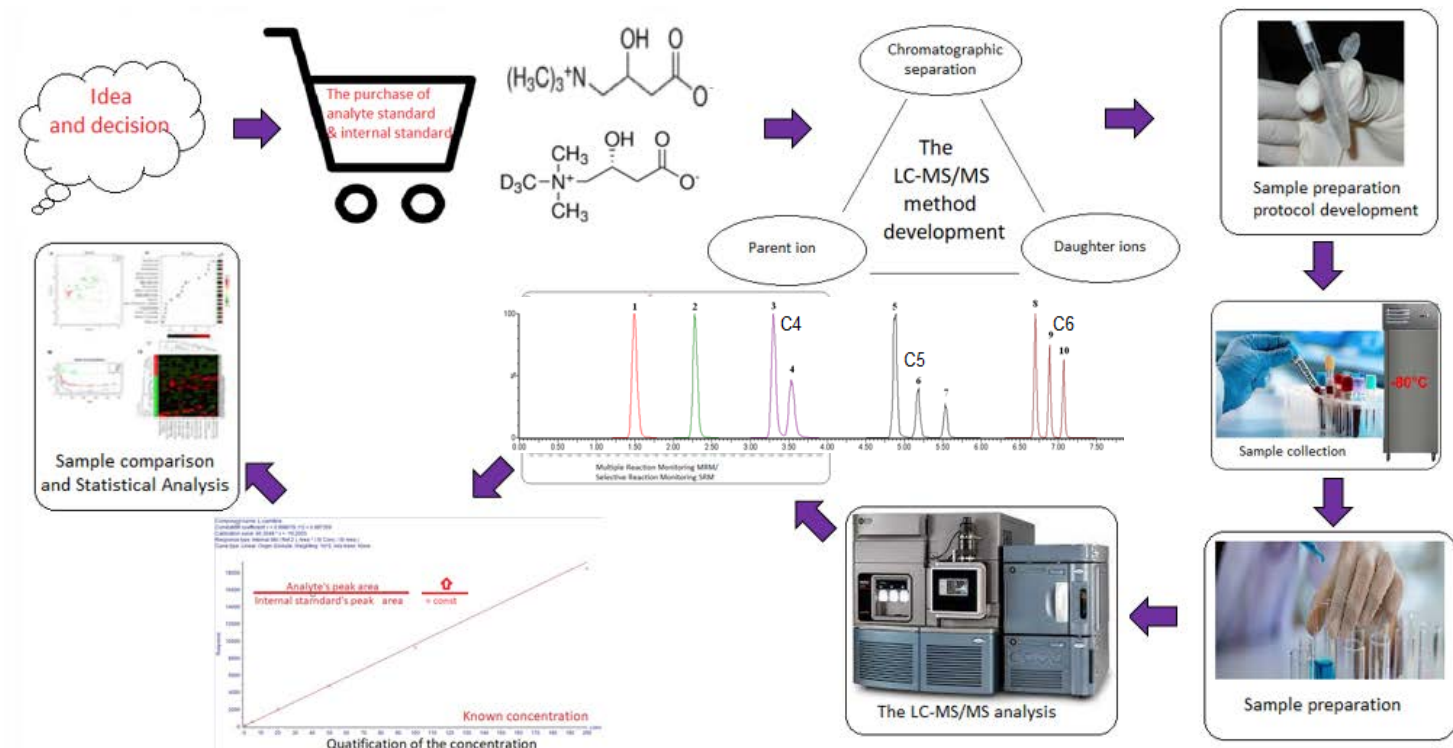


Czego można się nauczyć

- Działanie chromatografu cieczowego i gazowego
- Działanie spektrometru mas
- Nowoczesne techniki stosowane w metabolomice globalnej i celowanej
- Techniki przygotowania próbek metabolomicznych do analiz

Dodatkowe wymagania

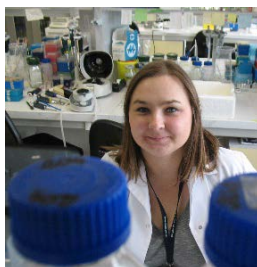
- Szczepienie przeciwko WZW typu B
- Umiejętność analitycznego myślenia



Grupa biologii komórki i nowotworów (Laboratory of Cell and Cancer Biology)

Kierownik grupy: dr Daria Zdżalik-Bielecka

kontakt: d.zdzalik-bielecka@uw.edu.pl



Członkowie grupy:

dr Konrad Kosicki

Weronika Tokarska-Domżałowicz (doktorantka)

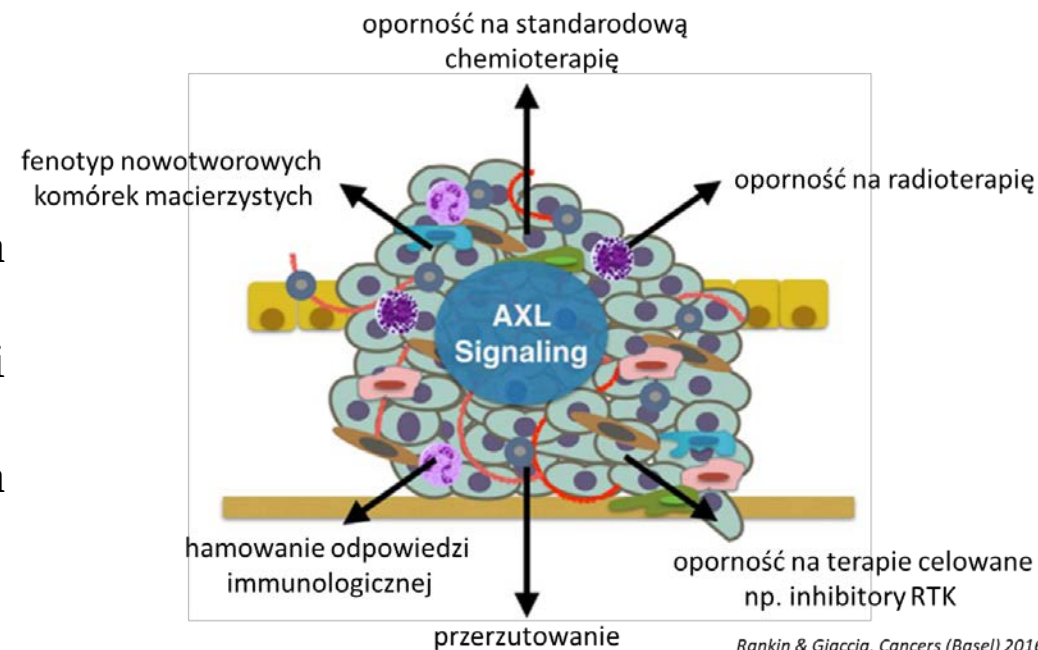
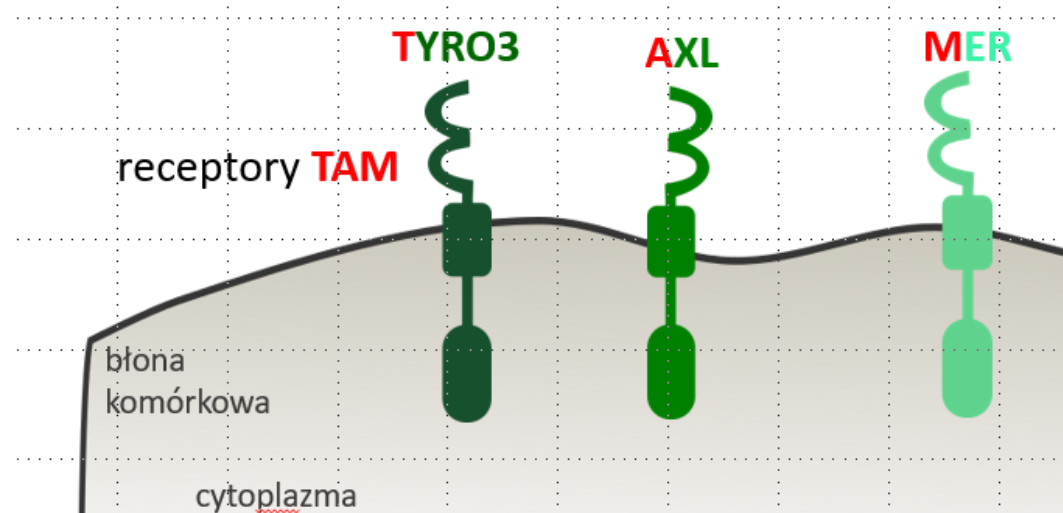
Aleksandra Matosek (magistrantka)

Nicola Nowosielski (licencjusz)

Jakub Podlasek (licencjusz)

Tematyka badawcza

- Biologia komórki i nowotworów
- Receptorowe kinazy tyrozynowe (RTK) w procesie nowotworzenia (receptory TAM: TYRO3, AXL, MER)
- Sygnalizacja i inhibitory RTK we wzroście, inwazyjności i lekooporności komórek nowotworowych
- Mechanizmy lekooporności komórek nowotworowych na inhibitory RTK
- Cele molekularne i terapie przeciwnowotworowe
- Naprawa DNA (dr Konrad Kosicki)



Bibliografia

Inwadopodia w zależnej od receptora AXL inwazji i lekooporności komórek nowotworowych

Zdżalik-Bielecka D. Grant OPUS NCN; 2023/49/B/NZ3/03704 (streszczenie popularnonaukowe projektu)

<https://ncn.gov.pl/sites/default/files/listy-rankingowe/2023-03-14-opkit45wac/streszczenia/590634-pl.pdf>

[The GAS6-AXL signaling pathway triggers actin remodeling that drives membrane ruffling, macropinocytosis, and cancer-cell invasion.](#)

Zdżalik-Bielecka D, Poświata A, Kozik K, Jastrzębski K, Schink KO, Brewińska-Olchowik M, Piwocka K, Stenmark H, Międzyńska M. Proc Natl Acad Sci U S A. 2021 Jul 13;118(28):e2024596118. doi: 10.1073/pnas.2024596118.

<https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2024596118>

[TAM family kinases as therapeutic targets at the interface of cancer and immunity.](#) DeRyckere D, Huelse JM, Earp HS, **Graham DK**. Nat Rev Clin Oncol. 2023 Nov;20(11):755-779. doi: 10.1038/s41571-023-00813-7.

<https://www.nature.com/articles/s41571-023-00813-7>

[AXL Receptor Tyrosine Kinase as a Promising Therapeutic Target Directing Multiple Aspects of Cancer Progression and Metastasis.](#) Goyette MA, **Côté JF**. Cancers (Basel). 2022 Jan 18;14(3):466. doi: 10.3390/cancers14030466.

<https://www.mdpi.com/2072-6694/14/3/466>

[Endocytic trafficking of GAS6-AXL complexes is associated with sustained AKT activation.](#) Poświata A, Kozik K, Międzyńska M, **Zdżalik-Bielecka D**. Cell Mol Life Sci. 2022 May 27;79(6):316. doi: 10.1007/s00018-022-04312-3.

<https://link.springer.com/article/10.1007/s00018-022-04312-3>

[Bemcentinib and Gilteritinib Inhibit Cell Growth and Impair the Endo-Lysosomal and Autophagy Systems in an AXL-Independent Manner.](#)

Zdżalik-Bielecka D, Kozik K, Poświata A, Jastrzębski K, Jakubik M, Międzyńska M. Mol Cancer Res. 2022 Mar 1;20(3):446-455. doi: 10.1158/1541-7786.MCR-21-0444.

<https://aacrjournals.org/mcr/article/20/3/446/681664>

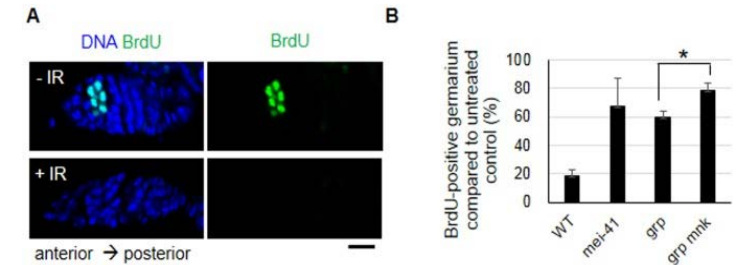
„Badanie właściwości leków biologicznych opartych na emulsjach wielokrotnych na modelu komórkowym raka jelita grubego” - praca eksperymentalna

Opiekun pracy: dr Konrad Kosicki
kontakt: km.kosicki@uw.edu.pl

Pokój 133/136A IGiB

Zapraszam na spotkania indywidualne po wcześniejszym umówieniu się

Projekt realizowany we współpracy z Politechniką Warszawską (PI: Prof. Ewa Dłuska)

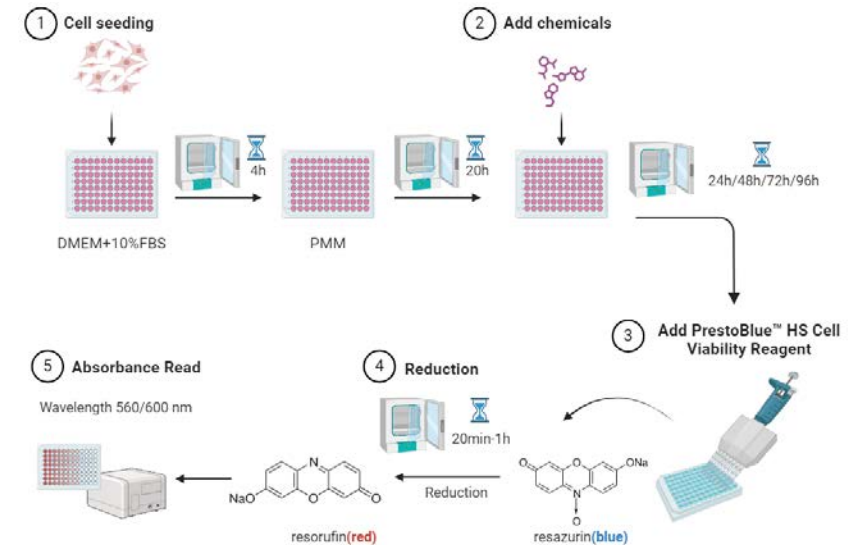
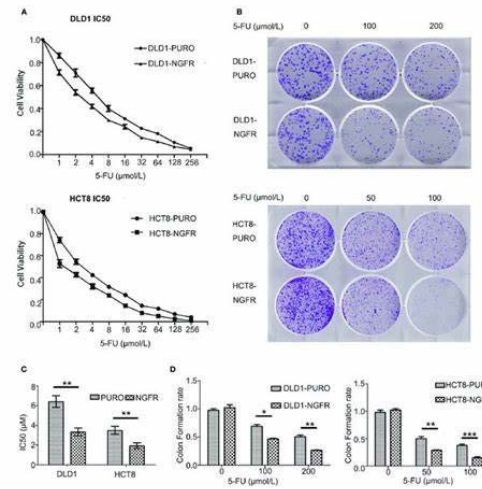


Czego można się nauczyć

- Hodowle ludzkich komórek nowotworowych
- Testy żywotności oraz proliferacji komórek, tj. PrestoBlue assay, Colony Formation assay, BrdU incorporation assay

Dodatkowe wymagania:

- Zainteresowanie tematyką biologii nowotworów i naprawy DNA oraz terapii przeciwnowotworowych
- Komuniktywność



Grupa ewolucji mitochondrialnej ekspresji genów

Kierownik grupy Prof. dr hab. Paweł Golik

Dr Jakub Piątkowski

Dr Karolina Łabędzka-Dmoch

kontakt:

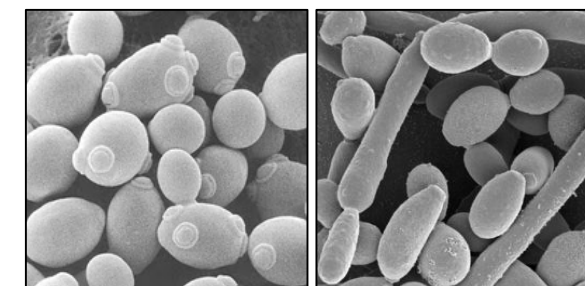
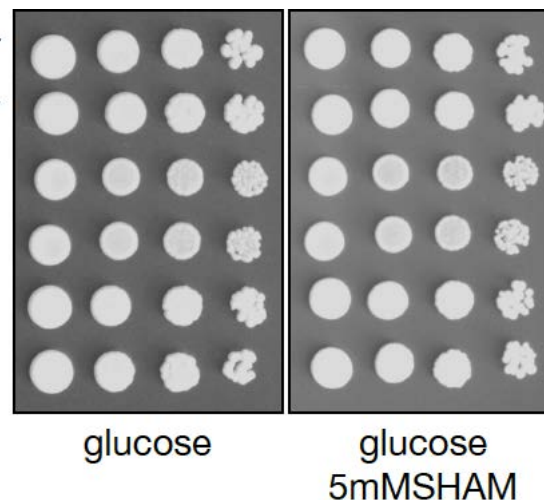
p.golik@uw.edu.pl

j.piatkowski@uw.edu.pl

k.labedzkadm@uw.edu.pl

Tematyka badawcza

- ekspresja genomu mitochondrialnego
- metabolizm mitochondrialnych RNA
- komunikacja pomiędzy mitochondrium i jądrem komórkowym
- procesy ewolucyjne zachodzące w mitochondriach grzybów
- oddychanie w mitochondriach grzybów
- *Candida albicans* jako patogen



Zastosowania modeli zwierzęcych do badania infekcyjności drożdżaków *Candida albicans* - praca teoretyczna (z możliwością rozszerzenia o część eksperymentalną)

Opiekun pracy: Karolina Łabędzka-Dmoch

Kontakt: k.labedzkadm@uw.edu.pl

Pokój 136 I piętro IGIB

zapraszam na spotkania indywidualne
po wcześniejszym umówieniu się

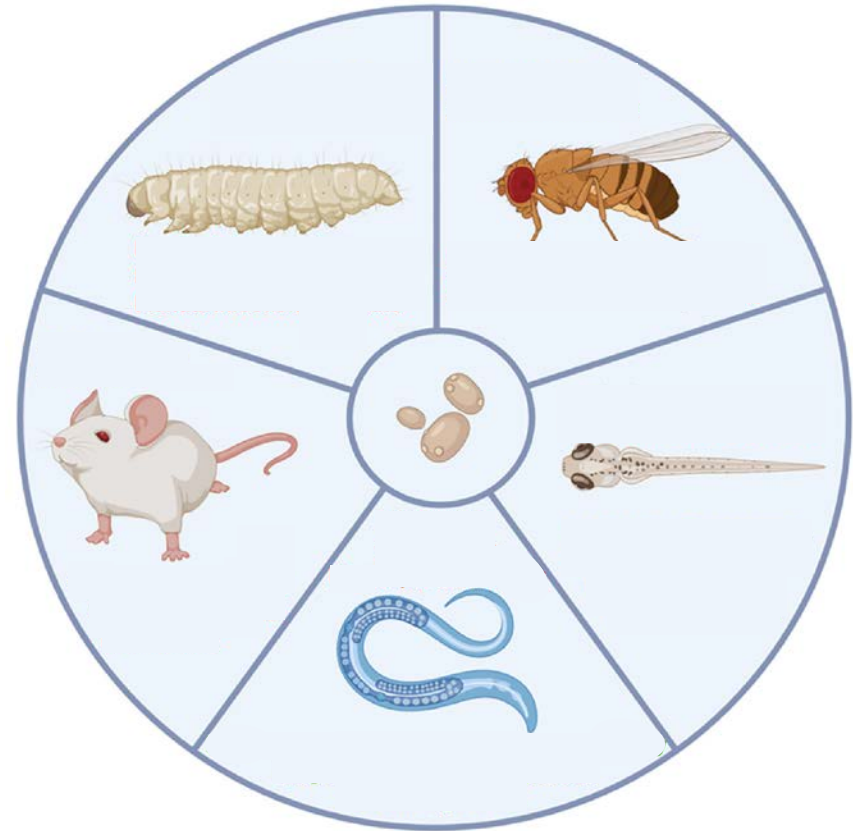
Czego można się nauczyć?

- analiza danych eksperymentalnych i literaturowych
opcjonalnie:

- pracy metodami mikrobiologicznymi (drożdże, bakterie)
- pracy z kwasami nukleinowymi (DNA, RNA) metodami biologii molekularnej
- izolacja mitochondriów, oznaczanie aktywności kompleksów oddechowych

Wymagania: dyspozycyjność i zaangażowanie oraz

znajomość języka angielskiego na poziomie pozwalającym na zrozumienie literatury anglojęzycznej



Bibliografia:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38925077/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21731485/>

**IGiB UW we współpracy
z Pracownią Biologii RNA IBB PAN**

Opracowanie modelu komórkowego umożliwiającego indukowaną deplecję DNA w ludzkich mitochondriach - praca eksperymentalna



Opiekun – dr Łukasz Borowski

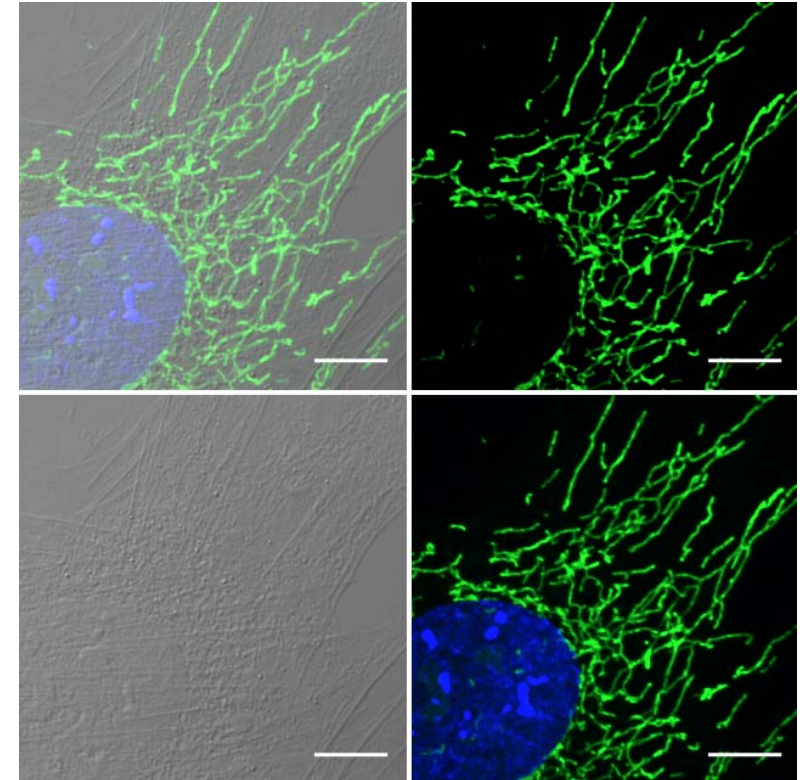
kontakt: lsborowski@uw.edu.pl

ul. Pawińskiego 5a, pokój 023, poziom -1

Osoby zainteresowane licencjatem proszone są o wcześniejszy kontakt
drogą mailową

Czego można się nauczyć

- Klonowanie DNA (PCR, SLIC, elektroforeza DNA, analiza sekwencji, namnażanie i izolacja plazmidów)
- Hodowla ludzkich komórek *in vitro*, wyprowadzanie stabilnych linii komórkowych
- Mikroskopia fluorescencyjna szerokiego pola i konfokalna, przyżyciowe obrazowanie komórek



Grupa chorób mitochondrialnych

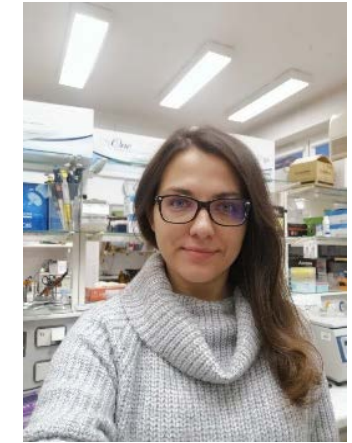
Kierownik grupy:

Prof. dr hab. Katarzyna Tońska

Członkowie grupy:

Dr Magdalena Kaliszewska

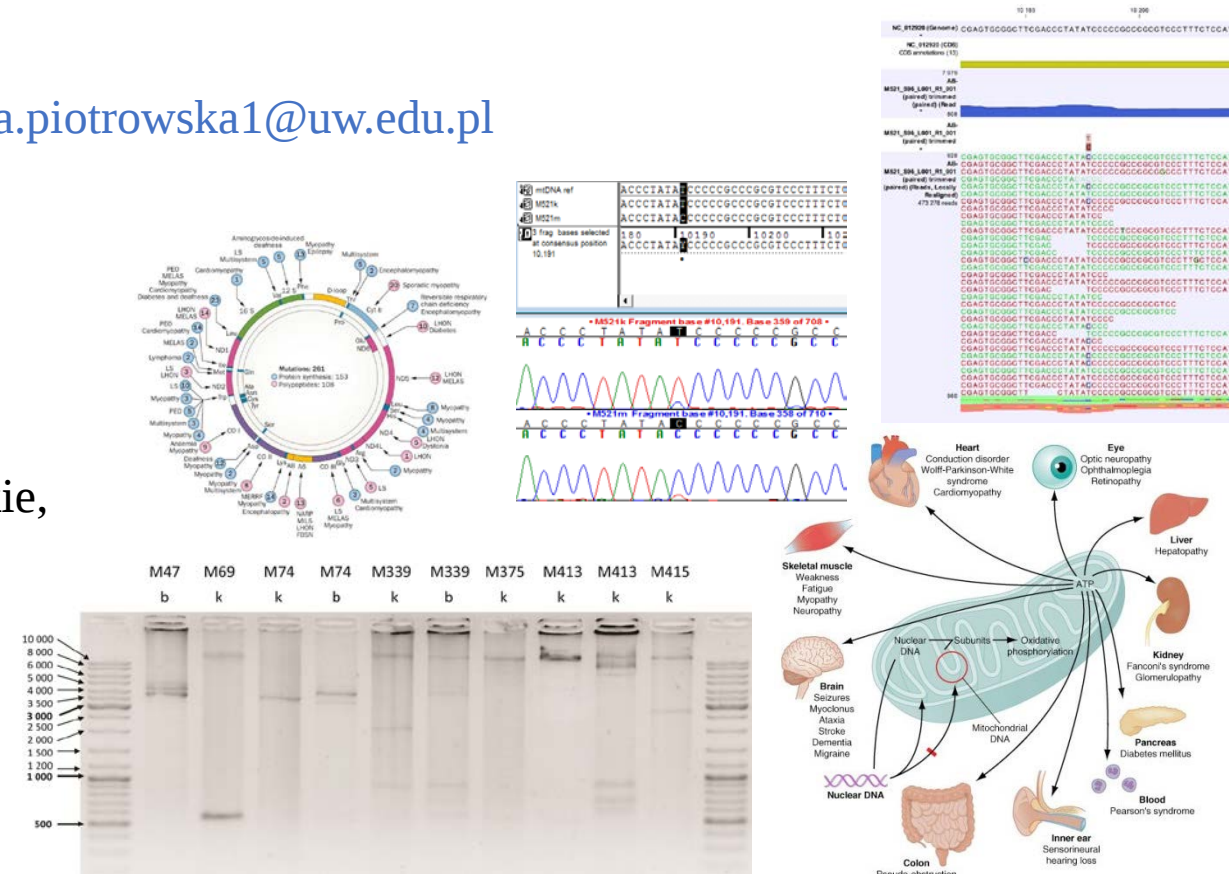
Dr Agnieszka Piotrowska-Nowak



Kontakt: k.tonska@uw.edu.pl, mkaliszewska@uw.edu.pl, a.piotrowska1@uw.edu.pl

Tematyka badawcza

- Molekularne podłoże chorób mitochondrialnych (m.in. LHON, MERRF, MELAS)
- Epidemiologia chorób mitochondrialnych
- Modelowanie chorób mitochondrialnych (komórki ludzkie, drożdże)
- Udział zmienności genomu mitochondrialnego w chorobach wieloczynnikowych (m.in. stwardnienie rozsiane, dystrofia śródbłonka rogówki Fuchsa)



Metody oczyszczania natywnych cząsteczek ludzkiego mitochondrialnego DNA

Praca eksperymentalna

Opiekun: dr Agnieszka Piotrowska-Nowak

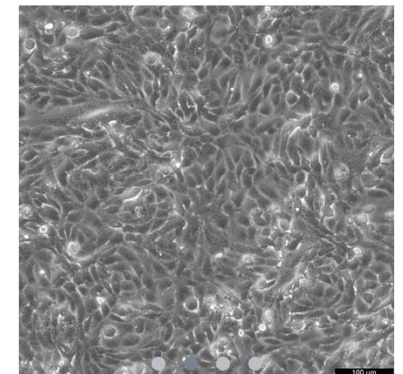
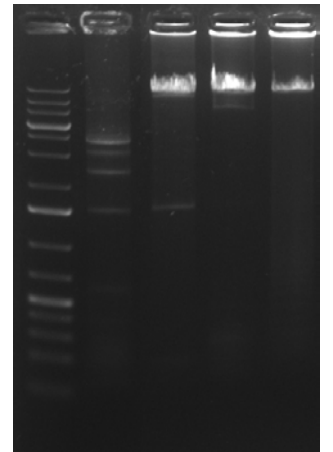
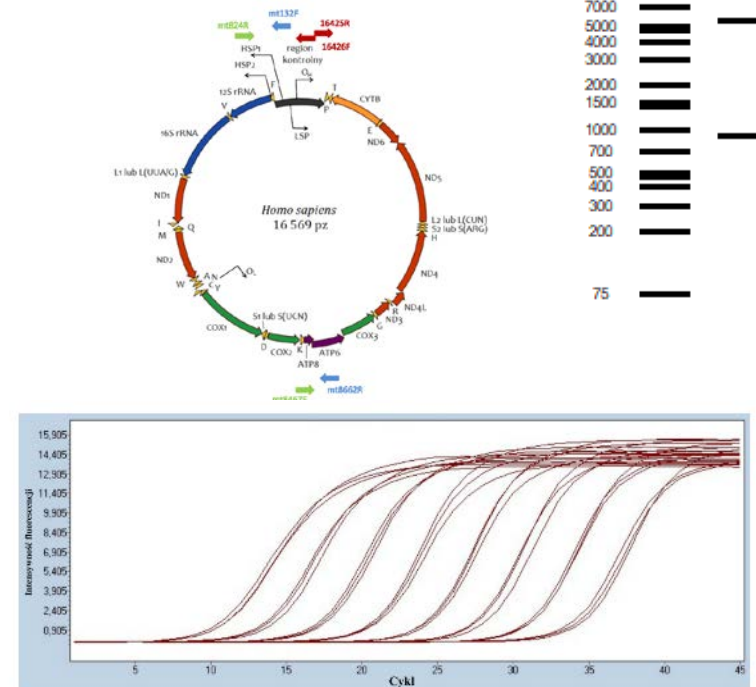
Kontakt: a.piotrowska1@uw.edu.pl, 22 592 22 39

Pokój 139 I piętro IGiB

Zapraszam na spotkania indywidualne po wcześniejszym umówieniu się

Czego można się nauczyć

- Praca z DNA
- Praca z materiałem pochodzącym od człowieka i ew. hodowla komórek ludzkich
- Metody biologii molekularnej:
 - trawienia restrykcyjne, elektroforeza DNA, PCR, qPCR, izolacja DNA
 - analizy bioinformatyczne



„Transkrypcja rybosomalnego RNA w komórkach drożdży: udział białek wiążących RNA Nrd1 i Nab3 w terminacji polimerazy RNA I oraz badanie struktury jąderka w mutantach z upośledzoną transkrypcją rRNA”.

Praca eksperymentalna

Opiekun: dr Michał Koper, grupa prof. Joanny Kufel

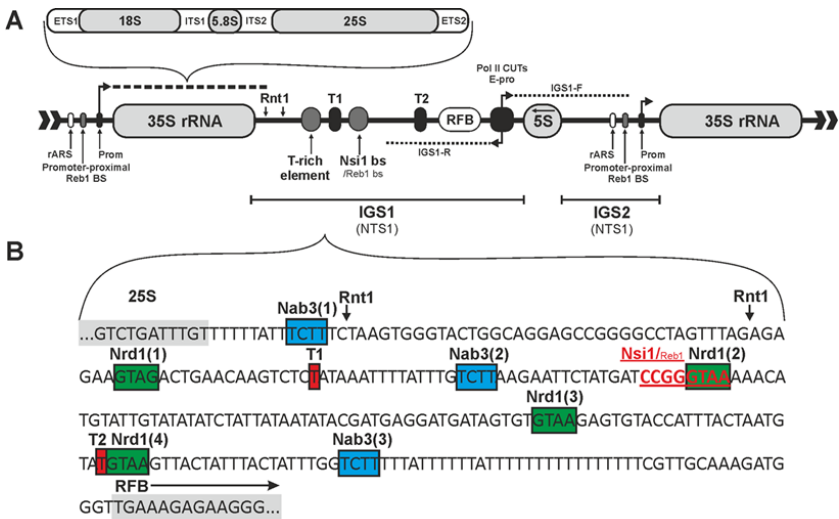
kontakt: m.koper@uw.edu.pl; pok. 147 (IGiB UW, gmach IBB PAN, I p.)
Zapraszam na spotkania indywidualne po wcześniejszym umówieniu się.



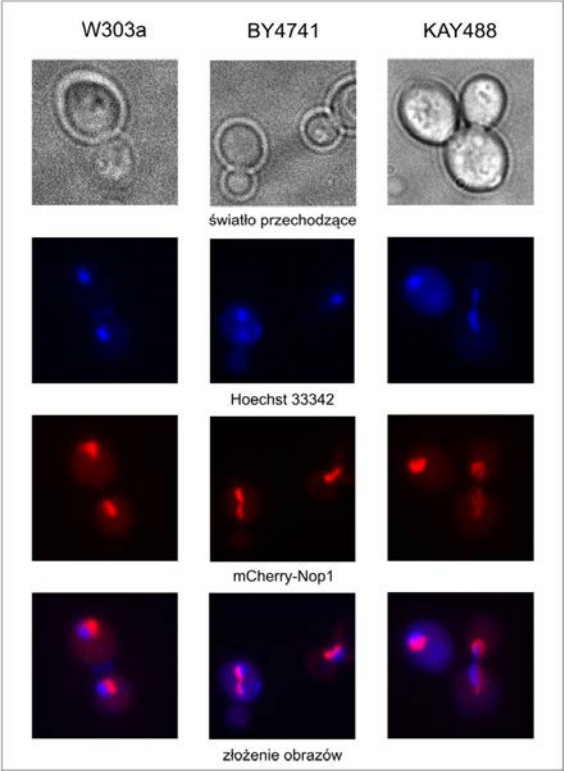
Czego można się nauczyć:

- techniki biologii molekularnej: PCR, qPCR, elektroforeza DNA, klonowanie konstruktów DNA;
- praca z RNA;
- praca z komórkami *Saccharomyces cerevisiae*;
- podstawowe techniki mikroskopowe.

Struktura rDNA



Zaburzona struktura jąderka w szczepie pozbawionym rDNA



Praca mgr W. Jaworski

Laboratory of RNA Biology - ERA Chairs Group @ International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw

adziembowski@iimcb.gov.pl (PI)
nguminska@iimcb.gov.pl (Post-doc)
btarkowski@iimcb.gov.pl (Post-doc)
smroczek@iimcb.gov.pl (Staff scientist)



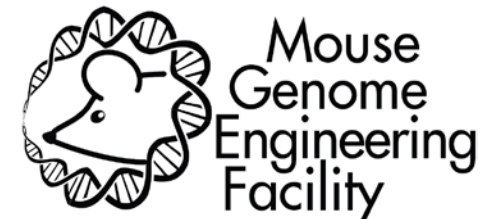
Łukasiewicz
PORT
Polski Ośrodek
Rozwoju
Technologii



Foundation for Polish Science



MOSaIC project received funding
from the European Union's Horizon 2020
research and innovation programme
under grant agreement no 810425



<https://crispr mice.eu/>

Proponowane tematy

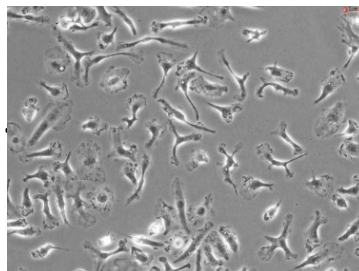
Seweryn Mroczek (opiekun Natalia Guminska)	Rozwijanie oprogramowania do anailzy danych z sekwencjonowania nanoporowego - analiza danych i kodowanie.	s.mroczek2@uw.edu.pl
Seweryn Mroczek (opiekun Bartosz Tarkowski)	Regulacja stabilności mRNA w ukadzie nerwowym i hormonalnym przez białka rodziny Tent5 - praca eksperymentalna z wykorzystaniem mysich modeli transgeniczných	s.mroczek2@uw.edu.pl
Seweryn Mroczek	Profilowanie rybosomów do analizy ekspresji terapeutycznych mRNA kodujących antygeny - praca eksperymentalna z wykorzystaniem mysich modeli transgeniczných.	s.mroczek2@uw.edu.pl

Zapraszamy na spotkania indywidualne po wcześniejszym umówieniu się (IIMCB – LRB Lab I piętro).

Polecany przedmiot - „Zwierzęta w badaniach naukowych”.

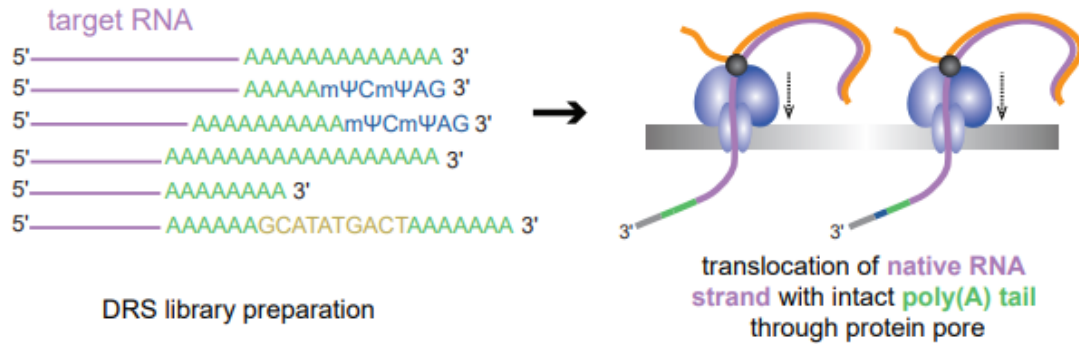
Czego można się nauczyć:

- Techniki biologii molekularnej: m.in. Klonowanie (m.in. SLIC) , czyszczenie białek, techniki oparte na wykorzystaniu przeciwciał (WB, IP, ChIP), CRISPR/Cas9, różne techniki pracy z RNA.
- Różne modele badawcze: linie komórkowe (w tym hodowle pierwotne z myszy), drożdże *Saccharomyces cerevisiae*, myszy *Mus musculus*.
- Techniki hodowli komórkowych (przejściowe transfekcje plazmidami, transfekcje siRNA etc.).
- Techniki pracy ze zwierzętami – immunohistochemia, izolacje komórek i tkanek w celu założenia pierwotnych hodowli komórkowych.
- Narzędzia bioinformatyczne (sekwencjonowania kwasów nukleinowych)
- Analizy cytometryczne (FACS).
- Techniki obrazowania mikroskopowego.



Badanie metabolizmu RNA w komórkach eukariotycznych

Nanopore sequencing of RNA therapeutics



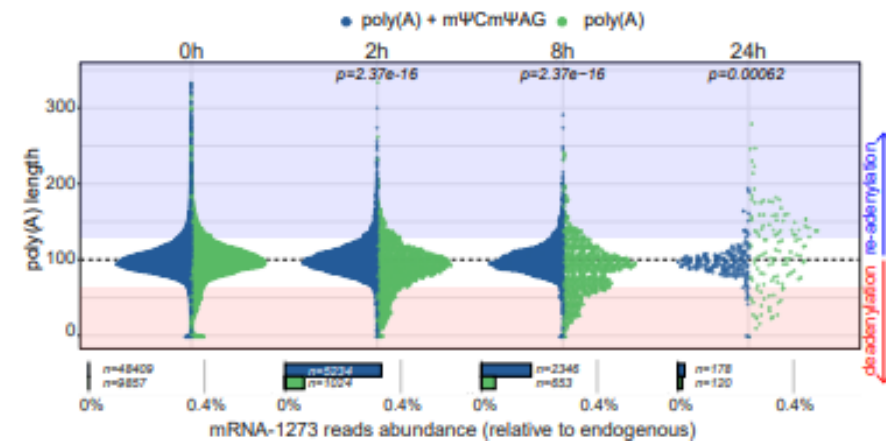
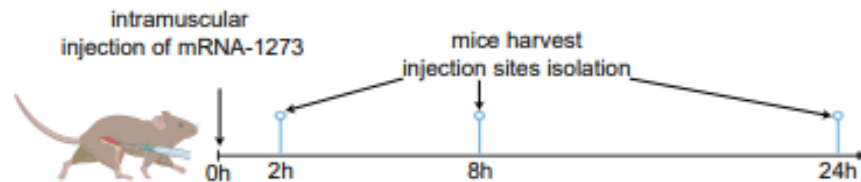
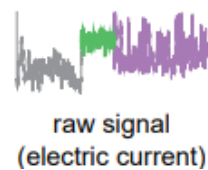
DRS library preparation

AGUCCAGUGCAGCAGUGCAU

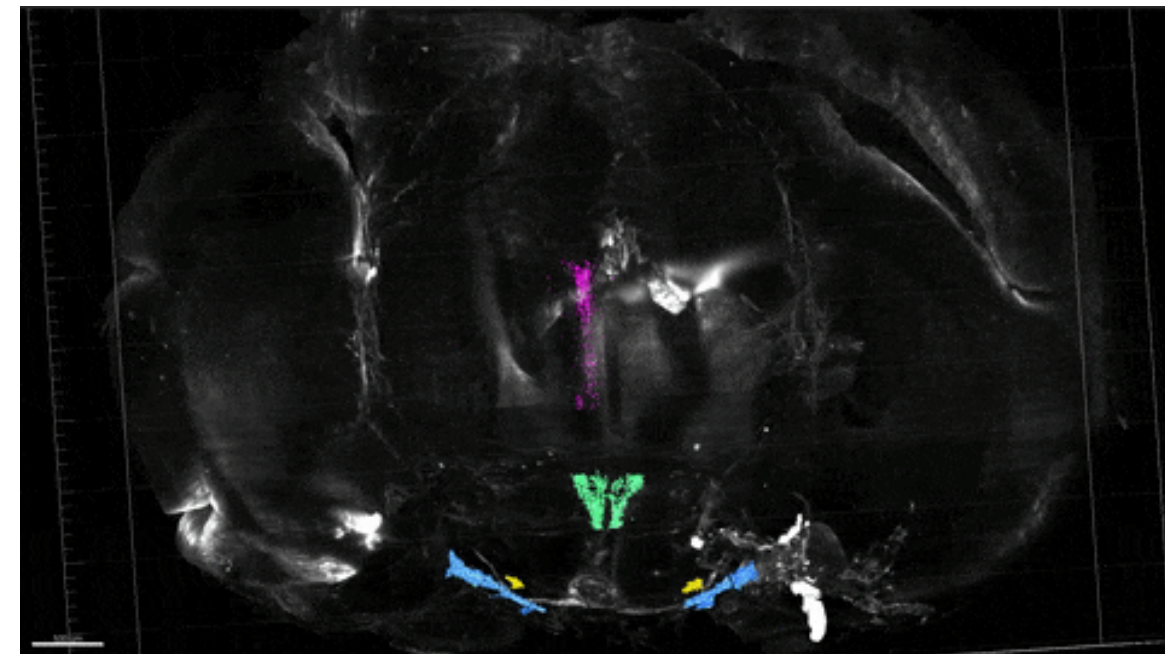
sequence (basecalling)

poly(A) length
(including all segments)

mΨCmΨAG presence



Badanie fenotypów myszy z mutacjami w genach związanych z metabolizmem RNA



Ostatnie publikacje:

1. [Re-adenylation by TENT5A enhances efficacy of SARS-CoV-2 mRNA vaccines.](#) Krawczyk PS, Mazur M, Orzeł W, Gewartowska O, Jeleń S, Antczak W, Kasztelan K, Brouze A, Matylla-Kulińska K, Gumińska N, Tarkowski B, Owczarek EP, Affek K, Turowski P, Tudek A, Sroka M, Śpiewła T, Kusio-Kobiałka M, Wesołowska A, Nowis D, Golab J, Kowalska J, Jemielity J, Dziembowski A, **Mroczek S**. **Nature**. 2025 Apr 16. doi: 10.1038/s41586-025-08842-1.
2. [Direct profiling of non-adenosines in poly\(A\) tails of endogenous and therapeutic mRNAs with Ninetails.](#) Gumińska N, Matylla-Kulińska K, Krawczyk PS, Maj M, Orzeł W, Mackiewicz Z, Brouze A, **Mroczek S**, Dziembowski A. **Nat Commun**. 2025 Mar 18;16(1):2664. doi: 10.1038/s41467-025-57787-6. PMID: 40102414
3. [DIS3L, cytoplasmic exosome catalytic subunit, is essential for development but not cell viability in mice.](#) Brouze M, Szpila M, Czerwińska AM, Antczak W, **Mroczek S**, Kuliński T, Hojka-Osińska AM, Cysewski D, Gewartowska O, Adamska D, Gruchota J, Borsuk E, Dziembowski A. **RNA**. 2025 Feb 7:rna.080350.124. doi: 10.1261/rna.080350.124. PMID: 39919786
4. [Comprehensive analysis of poly\(A\) tails in mouse testes and ovaries using Nanopore Direct RNA Sequencing.](#) Czarnocka-Cieciura A, Brouze M, Gumińska N, **Mroczek S**, Gewartowska O, Krawczyk PS, Dziembowski A. **Sci Data**. 2025 Jan 10;12(1):43. doi: 10.1038/s41597-024-04226-8. PMID: 39794363
5. [Modeling of mRNA deadenylation rates reveal a complex relationship between mRNA deadenylation and decay.](#) Czarnocka-Cieciura A, Poznański J, Turtola M, Tomecki R, Krawczyk PS, **Mroczek S**, Orzeł W, Saha U, Jensen TH, Dziembowski A, Tudek A. **EMBO J**. 2024 Dec;43(24):6525-6554. doi: 10.1038/s44318-024-00258-3. Epub 2024 Oct 11. PMID: 39394354