



DLA KOBIET I NAUKI
WE WSPÓŁPRACY MIĘDZY

L'ORÉAL
POLSKA



Polski Komitet
do spraw UNESCO



Ministerstwo
Edukacji i Nauki

PAN
POLSKA AKADEMIA NAUK

2020 / STYPENDYSTKI 20. EDYCJI PROGRAMU
L'ORÉAL-UNESCO DLA KOBIET I NAUKI

2020

**ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIEC**



Mgr
**ADRIANNA
MUSIAŁ**

Instytut Zootechniki,
Państwowy Instytut Badawczy w Balicach

KATEGORIA MAGISTRANCKA

ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIECY

“ W Polsce występuje niesamowita, rodzima rasa zwierząt, która cechuje się doskonałym przystosowaniem do życia w warunkach leśnych, długowiecznością oraz odpornością na choroby i trudne warunki bytowania. Mowa o konikach polskich. Są dwie teorie dotyczące ich pochodzenia – obie dotyczą dzikich koni. Celem moich badań genetycznych jest weryfikacja tych dwóch teorii i poznanie prawdziwego pochodzenia konika polskiego. ”

Identyfikacja pochodzenia męskich i żeńskich linii założycielskich polskich ras rodzimych koni w oparciu o ukierunkowane resekwencjonowanie chromosomu Y oraz zmienność mitochondrialnego DNA – mtDNA

Zastosowanie nowoczesnych technik genetyki molekularnej, takich jak sekwencjonowanie Sangera i sekwencjonowanie następnej generacji - NGS, pozwala na poznanie sekwencji w rejonie hiperzmiennym mitochondrialnego DNA - mtDNA oraz na ukierunkowane sekwencjonowanie wybranego fragmentu sekwencji chromosomu Y. Uzyskane sekwencje pozwolą na potencjalną identyfikację przodków koników polskich. Unikalne polimorfizmy w badanych sekwencjach pozwolą na oszacowanie genetycznego stopnia spokrewnienia z koniem Przewalskiego oraz kopalnymi szczątkami koni dzikich - tarpanów, a to umożliwi weryfikację hipotezy dotyczącej pochodzenia rasy konik polski. Ponadto, uzyskane wyniki zostaną zestawione z dostępnymi w banku genów sekwencjami chromosomu Y oraz mtDNA w celu zbadania związku z współczesnymi rasami koni domowych oraz koni Przewalskiego pochodzących z innych populacji. Jednocześnie polimorfizmy zlokalizowane w mitochondrialnym DNA pozwolą na poznanie historii pochodzenia rasy w aspekcie linii żeńskich, podczas gdy zmienność na chromosomie Y umożliwi przesledzenie męskich linii założycielskich, co będzie stanowiło podstawę do uzyskania pełnego obrazu przeszłych procesów populacyjnych oraz historii wykorzystania obu płci podczas procesu wyprowadzania rasy. Dodatkowo możliwe będzie zidentyfikowanie nowych polimorfizmów unikalnych dla populacji konika polskiego. Resekwencjonowanie wybranego fragmentu chromosomu Y będzie miało charakter nowatorski, a uzyskane sekwencje zostaną zdeponowane w międzynarodowej bazie danych NCBI i będą dostępne dla innych badaczy.





Mgr
**ALEKSANDRA
KOPACZ**

Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii,
Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

KATEGORIA DOKTORANCKA

2020
ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIECY

“ W moich badaniach skupiam się na zrozumieniu powstawania tętniaka aorty brzusznej, czyli znacznego poszerzenia głównej tętnicy – aorty w części brzusznej, najczęściej w okolicach nerek. Niekontrolowany wzrost tętniaka może prowadzić do jego pęknięcia i nagłej śmierci. Niestety, wciąż bardzo mało wiemy o mechanizmach powstawania i przyczynach tej choroby, a ich zrozumienie mogłoby uprościć drogę do jej leczenia farmakologicznego i zastąpić dotychczasowy inwazyjny sposób leczenia, czyli interwencję chirurgiczną. ”

Nowe mechanizmy regulacji funkcji komórek śródbłonka i patofizjologii aorty – znaczenie Nrf2/Keap1 oraz miRNA-34a

Przedwczesne starzenie się naczyń krwionośnych wiąże się z upośledzeniem ich funkcji i zwiększonym ryzykiem wystąpienia chorób sercowo-naczyniowych, m.in. tętniaka aorty brzusznej (TAB). Dotychczasowe badania wskazują, że główny regulator odpowiedzi komórek na stres - Nrf2 oraz mikroRNA-34a mogą być istotnymi regulatorami funkcji komórek śródbłonka, a tym samym mieć kluczowy wpływ na fizjologię naczyń krwionośnych.

Wyniki badań Aleksandry Kopacz pokazują, że usunięcie Nrf2 z komórek śródbłonka prowadzi do ich przedwczesnego starzenia, któremu towarzyszą znaczne modyfikacje oraz nasilona agregacja białek. Obserwowane efekty spowodowane są nadmiarem białka Keap1, znanego do tej pory jako białko wiążące i hamujące Nrf2. Zaproponowany model działania wychodzi poza utarte schematy w dotychczasowej wiedzy i tym samym wyjaśnia wiele dotychczasowych wątpliwości. A badane mechanizmy przedwczesnego starzenia i dysfunkcji komórek śródbłonka okazały się prawdziwe zarówno w przypadku przedwczesnego (wywołanego stresem), jak i fizjologicznego starzenia się. Pozwala to na stworzenie skuteczniejszych strategii terapeutycznych opóźniających starzenie komórek oraz wskazuje na potencjalne zagrożenia wynikające z stosowania dostępnych aktywatorów Nrf2. Ponadto, Aleksandra Kopacz wykazała, że zahamowanie Nrf2 zwiększa prawdopodobieństwo wystąpienia TAB w modelu mysim, czemu towarzyszą istotne zmiany strukturalne w obrębie komórek śródbłonka. Bazując na tym, w najbliższym czasie badaczka planuje przesledzić i wyjaśnić losy komórek śródbłonka podczas powstawania TAB, co zwiększy nasze zrozumienie mechanizmów choroby i sposobów jej leczenia.





Mgr
**MARIKA
TUREK**

Wydział Nauk Ścisłych,
Przyrodniczych i Technicznych,
Uniwersytet Humanistyczno-Przyrodniczy
im. Jana Długosza w Częstochowie

KATEGORIA DOKTORANCKA

ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIEC

“ Większość leków na świecie jest zażywana w postaci tabletek, jednak aż 40% substancji czynnych w nich zawartych rozpuszcza się słabo, a przez to gorzej przyswaja je nasz organizm. Przykładem są tu sartany, czyli grupa leków powszechnie stosowanych w leczeniu nadciśnienia, które dotyka co trzeciego Polaka. Jeśli ulepszymy ich rozpuszczalność, zwiększymy efektywność działania leku. Co więcej, sartany mogą być stosowane w walce z jednym z największych wyzwań współczesnej medycyny – koronawirusem. ”

Wygrać walkę z nadciśnieniem i COVID-19: Ko-kryształizacja i ko-amorfizacja antagonistów receptora angiotensyny II prowadząca do lepiej rozpuszczalnych związków o dwufunkcyjnym działaniu

W swoich badaniach Marika Turek stosuje ko-kryształizację i ko-amorfizację, które pozwalają na otrzymanie lepiej rozpuszczalnych i dwufunkcyjnych leków zawierających główną substancję czynną oraz dodatkowy składnik, który wykazuje szereg prozdrowotnych właściwości i przyczynia się do zwiększenia rozpuszczalności wyjściowego leku. Leki przeciwnadciśnieniowe, które są przedmiotem projektu, są obecnie poddawane wielu badaniom klinicznym na całym świecie i mogą okazać się pomocne w leczeniu zakażenia koronawirusem SARS-CoV-2, ponieważ wpływają na układ renina-angiotensyna-aldosteron, a szczególnie na białko ACE2, które jest także receptorem dla SARS-CoV-2.

Do tej pory, w ramach projektu Marika Turek wraz zespołem z UJD i CBMM PAN opracowała dwuskładnikową formułę farmaceutyczną opartą na dostępnym leku przeciwnadciśnieniowym i ko-formerze, który m.in. działa ochronnie na płuca i wzmacnia przeciwwirusową odpowiedź immunologiczną – może ona znaleźć zastosowanie w leczeniu COVID-19. Poprzez opracowywanie nowych leków mogących wspomagać leczenie COVID-19 manifestujemy swój wkład w walkę z pandemią COVID-19, która stała się priorytetem dla naukowców z całego świata. Nie należy również zapominać o leczeniu nadciśnienia – nowa formuła charakteryzuje się większą rozpuszczalnością i dobrą stabilnością, co przekłada się na jej większą biodostępność i mniejszą dawkę, którą pacjent będzie musiał zażyć.





Dr
**ANNA
KARNKOWSKA**

Wydział Biologii,
Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych,
Uniwersytet Warszawski

KATEGORIA HABILITANCKA

2020
ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIET

“ W moich badaniach analizuję sekwencje genomów protistów, czyli jednokomórkowych organizmów eukariotycznych, które w przeciwieństwie do bakterii, mają jądro komórkowe. W ten sposób poszukuję odpowiedzi na pytania dotyczące ewolucji komórki eukariotycznej oraz roli tych organizmów w ekosystemach. ”

Ekologia i ewolucja mikroorganizmów eukariotycznych

Podczas stażu podoktorskiego na Uniwersytecie Karla w Pradze, Anna Karnkowska wykazała istnienie pierwszego znanego organizmu eukariotycznego - Monocercomonoides, który utracił mitochondrium. Odkrycie to jest kluczowe dla zrozumienia funkcjonowania i ewolucji komórki eukariotycznej. Monocercomonoides stanowi obiecujący organizm modelowy, który wskazuje na możliwość utrzymania, w pewnych szczególnych warunkach, złożonej maszyny komórkowej mimo braku mitochondrium. Jest to również potencjalny model do badań eksperymentalnych nad funkcjami białek jednocześnie zaangażowanych w procesy zlokalizowane w mitochondriach, jak i w innych częściach komórki.

Aby określić ogólne wzorce ewolucji organelli, badaczka analizuje kilka grup wolno żyjących i pasożytniczych mikroorganizmów eukariotycznych (protistów), które posiadają zredukowane organelle. Proces redukcji organelli często towarzyszy przejściu z wolno żyjącego trybu życia na pasożytniczy. W konsekwencji pasożyty często posiadają zredukowane plastydy i mitochondria, które choć utraciły większość swoich funkcji, to są niezbędne dla funkcjonowania tych organizmów. Badania z zakresu genomiki porównawczej umożliwiają identyfikację kluczowych procesów zachowanych w zredukowanych organellach, które mogą stać się dogodnym celem nowych terapii.

Od niedawna Anna Karnkowska bada także rolę protistów w ekosystemach słodkowodnych. W tych badaniach stosuje metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego, które umożliwiają poznanie składu zespołów mikroorganizmów i przeprowadzanych przez nie procesów w zbiornikach wodnych. Ponadto badaczka próbuje wykryć interakcje pomiędzy różnymi protistami oraz pomiędzy protistami i bakteriami. W obszarze zainteresowań są zwłaszcza relacje symbiotyczne i pasożytnicze oraz rola protistów jako rezerwuaru bakterii chorobotwórczych. Badania te są szczególnie istotne ze względu na zmieniający się klimat i postępującą eutrofizację wód, które wpływają zarówno na skład mikroorganizmów, jak i ich interakcje.





Dr hab.
**BARBARA
USZCZYŃSKA-RATAJCZAK**

Institut Chemii Bioorganicznej,
Polska Akademia Nauk w Poznaniu

KATEGORIA HABILITANCKA

ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIET

“ Chcę stworzyć wysokiej jakości mapy genów niekodujących w genomach człowieka, myszy i ryby, jako podstawy dla zrozumienia ich biologicznych i patologicznych ról w komórce. Informacje zawarte w sekwencji genomu mają też ogromne znaczenie w badaniach biomedycznych. ”

Po ciemnej stronie genomów, czyli identyfikacja długich niekodujących RNA w genomach kręgowców

Geny kodujące białka (ok. 19,000) stanowią jedynie niewielki fragment naszego genomu (ok. 1%). Pozostała część, tj. blisko 99% ludzkiego genomu nie produkuje białek, ale jej fragmenty mają możliwość wytwarzania RNA. Najliczniejszą klasą cząsteczek RNA, które nie kodują białek są długie niekodujące RNA (ang. Long noncoding RNAs, lncRNAs). Szacuje się, że nasz genom produkuje od 20,000 do nawet 100,000 lncRNAs. Długie niekodujące RNA zaangażowane są w kluczowe procesy biologiczne, w tym w regulację procesu wzrostu i różnicowania komórek, a także w proces rozwoju zarodka. Coraz więcej dowodów wskazuje także, że lncRNAs odgrywają także istotną rolę w stanach patologicznych. Wiele lncRNAs ma związek z chorobami ludzkimi, w tym chorobami sercowo-naczyniowymi i zaburzeniami neurodegeneracyjnymi. Zmiany poziomów ekspresji niektórych lncRNAs prowadzą także do powstania różnych typów nowotworów. Zatem identyfikacja lncRNAs oraz zrozumienie ich biologicznych i patologicznych ról w komórce ma ogromne znaczenie z punktu widzenia biologii i medycyny. Tym bardziej, że zdecydowana większość lncRNAs (> 97%) wciąż pozostaje funkcjonalnie nie scharakteryzowana.

Badania Barbary Uszczyńskiej-Ratajczak koncentrują się na tworzeniu wysokiej jakości map genów lncRNA w genomach człowieka, myszy i danio przegowanego, jako podstaw dla zrozumienia funkcji lncRNAs w komórce. Wynikiem tych prac są metody, które pozwalają na identyfikację lncRNAs w dużej skali. Dzięki nim udało się stworzyć szczegółową mapę dla blisko 4,000 genów lncRNAs w genomach człowieka i myszy. Nowe metody pozwoliły zidentyfikować brakujące elementy niektórych modeli genów, odkryć nowe geny lncRNAs, ale także lepiej poznać ich charakterystykę na poziomie genomu. Dzięki temu nieco lepiej rozumiemy podstawy ich funkcjonowania. Nowa, szczegółowa mapa pozwoliła także na udoskonalenie GENCODE – jednego z najlepszych i najważniejszych katalogów genów. Naukowcy na całym świecie wykorzystują katalog GENCODE w swoich projektach badawczych w tym także w badaniach klinicznych. Zatem można powiedzieć, że poprawa jakości katalogu GENCODE oznacza wkład w rozwój badań biomedycznych na całym świecie.





Dr
**MARIA
GÓRNA**

Wydział Chemii,
Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych,
Uniwersytet Warszawski

KATEGORIA HABILITANCKA

ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIET

“ W moich badaniach zajmuję się poszukiwaniem zupełnie nowych strategii działania antybiotyków – takich jak degradery przeciwbakteryjne, czyli cząsteczki niszczące białka. Odkrywam tajniki funkcji i struktury białek, by lepiej poznać, zdiagnozować, a docelowo też zwalczyć choroby zakaźne, autoimmunologiczne i nowotworowe. ”

Badania funkcji i struktury białek na potrzeby ulepszonej terapii i diagnostyki chorób zakaźnych i autoimmunologicznych

Jednym z przedmiotów badań Marii Górnej są przeciwwirusowe białka IFIT, które w komórkach naszego organizmu wyłapują i zwalczają wirusowe RNA. Jej zespół bada oddziaływanie kompleksów białek IFIT z RNA metodami biologii strukturalnej, m.in. kriomikroskopii elektronicznej. Badaczka opracowuje również zastosowania tych białek w biotechnologii i diagnostyce chorób zakaźnych – używane są do poprawy czułości i selektywności testów opartych o RNA patogenu. Obecnie metoda ta jest w trakcie patentowania, a badaczka ma nadzieję na jej zastosowanie w diagnostyce i sekwencjonowaniu RNA bakterii, grzybów czy wirusów.

Najnowszy kierunek badawczy podjęty przez Marię Górną ma na celu opracowanie narzędzi do celowanej degradacji proteolitycznej w bakteriach – degraderów, czyli chimericznych peptydów lub małych cząsteczek, które rekrutują proteazę do zniszczenia wybranego białka. Jest to nowe, rewolucyjne podejście do konstrukcji i zasady działania leków, które ostatnio zaczęto rozwijać w terapii nowotworów. Usuwanie białka będącego przyczyną choroby jest bowiem dużo skuteczniejszą metodą terapii niż tylko blokowanie jego aktywności przez inhibitory, w który to sposób działają tradycyjne leki. Ze względu na ukierunkowanie na ludzki system proteolityczny, obecnie dostępne degradery niestety nie działają przeciwko białkom bakteryjnym. Jest to pierwszy zespół na świecie, który rozwija degradery mające działać w bakteriach Gram ujemnych, takich jak wiele patogennych bakterii. Badaczka ma nadzieję, że w ten sposób otworzą zupełnie nową drogę działania antybiotyków, co jest bardzo ważne w obliczu rozpowszechniającej się antybiotykooporności w patogennych bakteriach. Do tej pory udało się ustawić warsztat biochemiczny i mikrobiologiczny pozwalający na szukanie peptydów i związków rekrutujących wybrane białka bakteryjne do proteazy ClpXP. Kolejnym krokiem będzie przetestowanie działania pierwszych bakteryjnych degraderów na wybranych bakteriach.



2020

ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI NAUKA POTRZEBUJE KOBIECI

Polska była pierwszym krajem, w którym zorganizowano lokalną edycję globalnej inicjatywy **For Women in Science**. Roczne stypendia przyznawane są w **trzech kategoriach**: habilitacyjnej (35 000 zł), doktoranckiej (30 000 zł) oraz magisterskiej (20 000 zł), odpowiednio na poszczególnych etapach przygotowywania rozprawy habilitacyjnej, doktorskiej lub pracy magisterskiej. **Stypendia** stanowią nagrodę za dotychczasowy wkład badaczek w rozwój nauki oraz pasję i zaangażowanie w wykonywaną pracę.



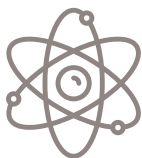
20

lat programu
w Polsce



105

badaczek wyróżnionych
od 2001 r.



Rekordowa liczba
zgłoszeń kompletnych w 2020 r.

179

wzrost o

30%

względem 2019 r.

Zgłoszenia obejmowały nauki o życiu i środowisku,
nauki inżynieryjne i technologiczne, nauki formalne, nauki fizyczne.



6

uzdolnionych badaczek
nagrodzonych

w 2020 r.

JURY PROGRAMU

PRZEWODNICZĄCA JURY

prof. dr hab. **Ewa Łojkowska**

biotechnologia roślin, mikrobiologia

CZŁONKOWIE JURY:

prof. dr hab. **Małgorzata Czyż**

biologia molekularna

prof. dr hab. **Alfreda Graczyk**

chemia

prof. dr hab. **Waleria Hryniewicz**

medycyna

prof. dr hab. **Tomasz Janowski**

weterynaria

prof. dr hab. **Alicja Józkowicz**

biologia molekularna

prof. dr hab. **Joanna Narbutt**

dermatologia, wenerologia

prof. dr hab. **Adam Jaworski**

mikrobiologia, genetyka

prof. dr hab. **Andrzej Legocki**

biotechnologia

CZŁONKOWIE JURY Z RAMIENIA UNESCO:

prof. dr hab. **Ewa Bartnik**

genetyka, biologia molekularna

prof. dr hab. **Maciej Nałęcz**

biochemia

prof. dr hab. **Zdzisław Krawczyk**

biologia molekularna, onkologia

CZŁONKOWIE JURY WSKAZANI PRZEZ MINISTRA NAUKI I SZKOLNICTWA WYŻSZEGO:

prof. dr hab. **Iwona Hus**

onkologia

prof. dr hab. **Olga Haus**

genetyka

prof. dr hab. **Maciej Banach**

kardiologia

CZŁONKOWIE JURY Z RAMIENIA POLSKIEJ AKADEMII NAUK:

prof. dr hab. **Grzegorz Węgrzyn**

biologia molekularna

prof. dr hab. **Elżbieta Frąckowiak**

chemiczne źródła prądu i elektrochemia

2020

**ŚWIAT POTRZEBUJE NAUKI
NAUKA POTRZEBUJE KOBIEC**



DLA KOBIET I NAUKI
WE WSPÓLPRACY MIĘDZY



Pokaż jak wspierasz kobiety w nauce!

Oznacz nas:



L'Oréal Polska



LOrealPL

#KobietyWNauce

Znajdziesz nas również tutaj
www.lorealdlakobietinauki.pl