

**Załącznik nr 2 do wniosku o przeprowadzenie postępowania
habilitacyjnego**

AUTOREFERAT

**Metabolizm energetyczny oraz regulacja poziomu RNA w
drożdżach *Schizosaccharomyces pombe*.**

Michał Grzegorz Małecki

Instytut Genetyki i Biotechnologii

Wydział Biologii

Uniwersytet Warszawski

1. IMIĘ I NAZWISKO: MICHAŁ GRZEGORZ MAŁECKI

2. POSIADANE DYPLOMY, STOPNIE NAUKOWE

- 2008** Obrona pracy doktorskiej, Instytut Genetyki i Biotechnologii, Uniwersytet Warszawski.
Tytuł rozprawy doktorskiej: "Charakterystyka aktywności enzymatycznej kompleksu degradosomu mitochondrialnego *Saccharomyces cerevisiae* i jego podjednostek"
Promotor: Prof. Paweł Golik.
- 2004** Obrona pracy magisterskiej, Instytut Genetyki i Biotechnologii, Uniwersytet Warszawski. Promotor: Prof. Piotr Stępień.
- 2002** Tytuł licencjata, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski.

3. INFORMACJE O DOTYCHCZASOWYM ZATRUDNIENIU W JEDNOSTKACH NAUKOWYCH.

Od 2009 – adiunkt naukowy, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski.

2009-2013 – staż podoktorski, ITQB-NOVA (Instituto Tecnologia Quimica e Biologica), Portugalia.

2013-2018 – staż podoktorski, UCL (University College London), Wielka Brytania.

Od 2018 – kierownik projektu FIRST TEAM „Funkcje modyfikacji 3' końców RNA”, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski.

4. KRÓTKI OPIS ZAINTERESOWAŃ I KARIERY NAUKOWEJ

W trakcie mojej dotychczasowej kariery naukowej zajmowałem się różnymi aspektami degradacji i regulacji poziomów RNA u eukariota i prokariota. Do moich najważniejszych osiągnięć należy odkrycie, że jedna z drożdżowych nukleaz RNA Dis3L2, która jest zachowana ewolucyjnie między innymi u ludzi, preferencyjnie degradowuje urydylowane cząsteczki RNA. Badania prowadzone następnie w innych organizmach potwierdziły moją obserwację, podobną aktywność zaobserwowano także u ludzkiego odpowiednika wspomnianej nukleazy, aktywność ta okazała się kluczową dla funkcji jakie Dis3L2 pełni w regulacji dojrzewania mikro RNA.

Badania które prowadziłem podczas stażu podoktorskiego w Wielkiej Brytanii skupiły się na metabolizmie energetycznym u eukariota. Fermentacja glukozy którą przeprowadzają drożdże jest procesem analogicznym do aerobowa glikolizy - strategii metabolicznej używanej przez wiele komórek rakowych. W moich badaniach opisałem procesy fermentacji i oddychania u drożdży z rodzaju *Schizosaccharomyces pombe* które nie były wcześniej intensywnie badane pod tym kątem. Zidentyfikowałem geny drożdżowe których delecja zaburza procesy oddechowe, a także opisałem zmiany ekspresji genów zachodzące podczas zmian strategii energetycznych komórki.

Moja praca naukowa zaowocowała do tej pory osiemnastoma publikacjami które łącznie cytowane były ponad 500 razy według portalu *Web of Science* (ponad 700 razy według aplikacji *google scholar*).

Podczas moich stażów podoktorskich zostałem nagrodzony prestiżowymi indywidualnymi stypendiami naukowymi: *Marie Curie Individual Intra-European Fellowship* oraz *The Royal Society Newton International Fellowship*.

5. WSKAZANIE OSIĄGNIĘCIA WYNIKAJĄCEGO Z ART. 16 UST. 2 USTAWY Z DNIA 14 MARCA 2003 R. O STOPNIACH NAUKOWYCH I TYTULE NAUKOWYM ORAZ O STOPNIACH I TYTULE W ZAKRESIE SZTUKI (DZ. U. 2017 R. POZ. 1789):

-
- tytuł osiągnięcia naukowego:

**Metabolizm energetyczny oraz regulacja poziomu RNA w drożdżach
Schizosaccharomyces pombe.**

-
- publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

W skład osiągnięcia naukowego wchodzi cztery publikacje naukowe przy których powstaniu miałem istotny udział (szczegóły poniżej). W trzech wymienionych pracach eksperymentalnych jestem pierwszym autorem, a także współtwórcą koncepcji opisanych badań. Dodatkowo w skład osiągnięcia naukowego wchodzi praca przeglądowa, w pracy tej byłem odpowiedzialny za opisanie procesów degradacji RNA u organizmów eukariotycznych, przygotowanie tej pracy stanowiło istotny wstęp do moich późniejszych badań tych procesów.

Lista publikacji:

1. Arraiano CM, Andrade JM, Domingues S, Guinote IB, [Malecki M](#), Matos RG, Moreira RN, Pobre V, Reis FP, Saramago M, Silva IJ, Viegas SC.
The critical role of RNA processing and degradation in the control of gene expression.
***FEMS Microbiol Rev.* 34(5):883-923. 2010**
IF = 11.79, Cytowania = 184
2. [Malecki M](#), Viegas SC, Carneiro T, Golik P, Dressaire C, Ferreira MG and Arraiano CM
Characterization of Dis3L2 exoribonuclease discloses a novel RNA degradation pathway in eukaryotes.
***EMBO J.* 32(13):1842-54; 2013**
IF = 10.748, Cytowania = 130
3. [Malecki M](#), Bitton D, Rodríguez-López M, Rallis C, Calavia N, Smith GC, Bähler J
Functional and regulatory profiling of energy metabolism in fission yeast.
***Genome biology* 17 (1), 240 2016**
IF = 11.908, Cytowania = 5
4. [Malecki M](#), Bähler J
Identifying genes required for respiratory growth of fission yeast.

Wellcome open research 1 2 2016

To czasopismo nie posiada wskaźnika IF.

Cytowania = 2

-
- omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania.

Podczas mojego pierwszego stażu podoktorskiego w *Instituto de Tecnologia Quimica e Biologica* (ITQB-NOVA), zainteresowałem się tematem degradacji RNA w cytoplazmie komórek eukariotycznych i rozpocząłem badania tego procesu w modelu drożdżowym (*Schizosaccharomyces pombe*). Celem projektu było zcharakteryzowanie funkcji enzymu który zidentyfikowany był przeze mnie jako potencjalna cytoplazmatyczna egzonukleaza RNA.

W czasie kiedy rozpoczynałem swoje badania znane były dwie cytoplazmatyczne ścieżki degradacji transkryptów kodujących białka (mRNA). U drożdży piekarniczych (*Saccharomyces cerevisiae*), które są jednym z najlepiej opisanych pod tym względem organizmów modelowych, większość transkryptów cytoplazmatycznych jest degradowana przez egzonukleazę Xrn1 w kierunku 5'-3'. Dodatkowo transkrypty mogą być degradowane w kierunku 3'-5' i taka reakcja jest katalizowana przez kompleks egzosomu. Aktywną podjednostką kompleksu egzosomu jest egzonukleaza Dis3. W odróżnieniu do sytuacji u drożdży piekarniczych, w genomie ludzkim zakodowane są trzy homologiczne sekwencje genu DIS3 nazwane odpowiednio – DIS3, DIS3L oraz DIS3L2. Analiza filogenetyczna przeprowadzona w ramach mojego projektu wykazała, że cytoplazmatyczna egzonukleaza drożdży z gatunku *S. pombe* jest homologiem ludzkiego genu DIS3L2. Funkcja tego enzymu u ludzi nie była znana, ale mutacje w genie DIS3L2 są przyczyną rzadkiego genetycznego schorzenia – syndromu Perlmana.

W mojej pracy poświęconej charakterystyce drożdżowej wersji enzymu Dis3L2, udało się ustalić, że enzym ten zaangażowany jest w degradację mRNA w cytoplazmie. Dodatkowo wyniki badań sugerowały, że enzym działa niezależnie od kompleksu egzosomu. Delecja genu *dis3l2* u drożdży nie miała wyraźnego przełożenia na degradację mRNA, ale gdy delecja ta wprowadzona była w szczepach drożdżowych razem z innymi mutacjami wpływającymi na efektywność degradacji mRNA zaobserwowano zaangażowanie enzymu Dis3L2 w degradację kodujących transkryptów (mRNA). Dodatkowym dowodem na zaangażowanie Dis3L2 w degradację RNA w cytoplazmie był też fakt, że delecja genu *dis3l2* była letalna w połączeniu z delecją genu *xrn1* kodującego główną egzonukleazę cytoplazmatyczną.

Innym ważnym odkryciem dokonany przeze mnie w tej pracy była obserwacja, że enzym Dis3L2 degraduje preferencyjnie transkrypty, które są zmodyfikowane na końcu 3' poprzez dodanie nukleotydów urydynowych. W ramach projektu oczyściłem białko Dis3L2, nadekspymowane w bakteriach, i w serii kilku eksperymentów *in vitro* zademonstrowałem jego aktywność a także silną preferencję w stosunku do substratów RNA które były urydylowane. Ta preferencja do urydylowanych substratów tłumaczyła też wyniki które zaobserwowałem *in vivo* – akumulację urydylowanych cząsteczek mRNA w szczepach z delecją genu *dis3l2*.

Na podstawie otrzymanych wyników mogliśmy zaproponować, że urydylowanie substratów RNA powoduje ich degradację przez egzonukleazę Dis3L2, a także, że degradacja RNA przez enzym *dis3l2* stanowi alternatywną, nieopisaną wcześniej, drogę degradacji mRNA w cytoplazmie. Rezultatem tej pracy była publikacja **Malecki i wsp. 2013 EMBO J.** W tym okresie przygotowałem także rozdział

dotyczący degradacji RNA u eukariota do artykułu przeglądowego **Arraiano i wsp. 2010 FEMS Microbiol Rev.**

W czasie, kiedy opublikowałem otrzymane wyniki w czasopiśmie *EMBO J* inna grupa badawcza zademonstrowała, że podobnie jak w przypadku drożdżowego białka, ludzki enzym Dis3L2 także preferencyjnie degradowuje urydylowane RNA. Aktywność ta w komórkach ludzkich jest istotna do regulacji poziomów mikro RNA (miRNA) a jej zaburzenie prowadzi między innymi do zaburzeń rozwoju embrionalnego. Do dzisiaj urydylacja i degradacja transkryptów przez enzym Dis3L2 została pokazana dla różnych klas transkryptów i u różnych organizmów eukariotycznych.

Mój drugi staż doktorski odbyłem jako pracownik laboratorium regulacji genomu na *University College London*. Moja praca w Wielkiej Brytanii dotyczyła metabolizmu energetycznego drożdży *S. pombe*, badałem także czynniki regulujące zmiany poziomu transkryptów zachodzące w odpowiedzi na zmiany strategii metabolicznych. Dodatkowo byłem zainteresowany identyfikacją czynników regulujących równowagę między dwoma głównymi strategiami energetycznymi u eukariota – oddychaniem i fermentacją.

Metabolizm energetyczny leży u podstawy funkcjonowania każdej żywej komórki. Drożdże *S. pombe* w pożywkach z dużą ilością glukozy uzyskują energię głównie na drodze fermentacji, niezależnie od dostępności tlenu. Fermentacja w warunkach tlenowych, która skutkuje szybkim wzrostem komórek, charakteryzuje także metabolizm wielu komórek rakowych. Procesowi fermentacji w warunkach tlenowych poświęcono wiele uwagi i jest on bardzo dobrze opisany, główne strategie energetyczne – fermentacja i oddychanie były szczególnie dokładnie badane u drożdży piekarniczych (*S. cerevisiae*). Drożdże z gatunku *S. pombe* nie były przedtem intensywnie badane pod względem strategii metabolicznych, a ponieważ ewolucyjnie te dwa gatunki są od siebie bardzo oddalone wywnioskowałem, że badanie metabolizmu energetycznego w *S. pombe* jest dobrą strategią na odkrycie nowych czynników i procesów ważnych dla regulacji strategii metabolicznych u eukariota ale nie konserwowanych u drożdży piekarniczych.

Możliwość taką sugerowały też różnice między drożdżami piekarniczymi a *S. pombe* jeśli chodzi o funkcje mitochondrialne. Dziedziczenie mitochondriów, organizacja genomu mitochondrialnego, a także fakt że *S. pombe* nie mogą jak drożdże piekarnicze stracić genomu mitochondrialnego sugerują, że regulacja metabolizmu oddechowego u *S. pombe* pod wieloma względami jest bardziej podobna do regulacji u wyższych eukariota w tym ludzi.

Metabolizm oddechowy jest aktywowany u drożdży kiedy hoduje się je na nieoptymalnym źródle węgla, na przykład na glicerolu lub galaktozie w przypadku *S. pombe*. Używając tej strategii przeprowadziłem analizy funkcjonalne mające na celu zidentyfikowanie genów zaangażowanych w regulację metabolizmu oddechowego. W wysokoprzypustowej analizie wykorzystałem kolekcję nieletalnych deletantów różnych genów drożdżowych, kolekcja ta zawiera około 3400 haploidalnych szczepów delecyjnych (70% wszystkich genów drożdżowych). Wzrost szczepów zawartych w kolekcji monitorowany był na różnych podłożach: glukozie, glicerolu oraz galaktozie. Dzięki tej analizie byłem w stanie zidentyfikować geny które są istotne dla wzrostu w warunkach kiedy komórka używa oddychania tlenowego do produkcji energii. Była to pierwsza analiza tego typu przeprowadzona dla drożdży z gatunku *S. pombe*.

Oryginalna kolekcja szczepów delecyjnych skonstruowana była w szczepach auktotroficznych (nie potrafiących zsintetyzować adeniny, histydyliny oraz uracylu). W trakcie mojej pracy przygotowałem zmodyfikowaną kolekcję deletantów z której usunąłem markery auktotroficzne (poprzez krzyżowanie i odpowiednią selekcję). Ta nowa kolekcja została następnie użyta do zidentyfikowania genów które są

istotne do wzrostu na podłożu indukującym metabolizm oddechowy. Następnie rezultaty otrzymane z użyciem kolekcji szczepów z auktrofiami oraz kolekcji szczepów z której auktrofie zostały usunięte, zostały porównane. Porównanie to dobitnie pokazało, że auktrofie obecne w oryginalnej kolekcji mają wpływ na metabolizm oddechowy. Część rezultatów dotycząca przygotowania kolekcji prototroficznej oraz jej porównania z kolekcją auktroficzną została opublikowana w **Malecki i Bahler 2016 Wellcome open research**.

W dalszej części badań nad metabolizmem energetycznym drożdży porównałem poziomy transkryptów komórek hodowanych na podłożu oddechowym (glicerol) względem komórek hodowanych na podłożu fermentacyjnym (glukoza). Użyłem do tego techniki wysokoprzepustowego sekwencjonowania RNA (*New Generation Sequencing* – NGS). Najważniejszym wynikiem tej analizy była obserwacja, że zmiany poziomów transkryptów bardzo dobrze obrazują przewidziane zmiany metabolizmu komórkowego. Dodatkowo użyłem techniki analizy mikromacierzowej (*microarray*) do obserwacji zmian poziomów transkryptów komórkowych po zamianie źródła węgla z fermentowalnego na niefermentowalne. Zaobserwowałem, że podczas przystosowywania się do nowego źródła węgla, i nowego typu metabolizmu, geny kodujące enzymy ważne w procesie oddychania komórkowego są aktywowane w skoordynowany sposób a ich aktywacja osiąga najwyższy poziom po około pół godziny od zmiany pożywki, po czym poziom tych transkryptów znowu spada. Używając wszystkich otrzymanych danych wytypowałem następnie czynniki transkrypcyjne potencjalnie zaangażowane w koordynowanie zaobserwowanych zmian.

Dodatkowo przeanalizowałem odpowiedź transkrypcyjną indukowaną przez zaburzenia metabolizmu oddechowego, na przykład przez zahamowanie aktywności łańcucha oddechowego (*Electron Transport Chain* - ETC). Zaobserwowałem, że chemiczne lub genetyczne uszkodzenie ETC powoduje obniżenie poziomów transkryptów genów kodujących podjednostki kompleksów ETC. Sytuacja ta jest podobna do sytuacji obserwowanej podczas zaburzenia metabolizmu oddechowego w komórkach ludzkich.

Wszystkie przeprowadzone analizy pozwoliły zidentyfikować geny zaangażowane w metabolizm oddechowy o drożdży z gatunku *S. pombe*. Warto podkreślić że były to pierwsze kompleksowe analizy tego typu. Rezultaty mojej pracy stanowią podstawę do przyszłych badań dotyczących bardziej szczegółowych aspektów regulacji metabolizmu energetycznego. Otrzymane dane są publicznie dostępne, wzbogaciły też adnotacje genów zamieszczone w bazie danych dedykowanej *S. pombe* (PomBase). Wyniki opisanej pracy zostały opublikowane w **Malecki i wsp. 2016 Genome biology**.

6. OMÓWIENIE POZOSTAŁYCH OSIĄGNIĘĆ NAUKOWO - BADAWCZYCH.

Pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze mogą być podzielone na (i) publikacje które były wynikiem mojej pracy na Uniwersytecie Warszawskim przed uzyskaniem stopnia doktora (ii) publikacje które były wynikiem pracy wykonanej podczas stażu doktorskiego w Portugalii (ITQB-NOVA), oraz (iii) publikacje które były wynikiem pracy wykonanej podczas stażu w odbywanego w Wielkiej Brytanii (UCL).

- Publikacje otrzymane w wyniku pracy wykonanej przed otrzymaniem doktoratu:

Przed uzyskaniem stopnia doktora głównym tematem moich badań była biochemiczna charakterystyka aktywności kompleksu degradosomu mitochondrialnego drożdży *Saccharomyces cerevisiae* (mtEXO). Kompleks ten złożony jest z dwu białek, helikazy Suv3 oraz egz nukleazy Dss1. Praca ta zaowocowała publikacją opisującą zależności mierzonych *in vitro* aktywności enzymatycznych podjednostek tego kompleksu względem siebie (Malecki i wsp. *J Mol Biol* 2007). Dodatkowo przygotowane zostały dwie publikacje opisujące metody których używałem do badań aktywności białek kompleksu (Malecki i wsp. *Methods Enzymol.* 2008, Malecki i wsp. *Methods Mol Biol.* 2010).

W tym okresie byłem też zaangażowany w pomoc przy projektach innych członków zespołu (Puchta i wsp. *Genetics* 2010, Gewartowski i wsp. *Acta Biochim Pol* 2006), dodatkowo brałem udział w przygotowaniu dwu artykułów przeglądowych opisujących mechanizmy degradacji RNA (Szczesny i wsp. *Biochim Biophys Acta* 2012, Malecki & Stepien *Postępy Biochemii* 2003)

Lista publikacji:

1. Szczesny RJ, Borowski LS, **Malecki M**, Wojcik MA, Stepien PP, Golik P; RNA Degradation in Yeast and Human Mitochondria.
Biochim Biophys Acta. 2012, 1819(9-10):1027-34
IF = **5.4**, Cytowania = **22**
2. **Malecki M**, Stepien PP, Golik P Assays of the helicase, ATPase, and exoribonuclease activities of the yeast mitochondrial degradosome.
Methods Mol Biol. 2010, 587:339-58.
IF = **1.71** (według researchgate), Cytowania = **6**.
3. Puchta O, Lubas M, Lipinski KA, Piatkowski J, **Malecki M**, Golik P; DMR1 (CCM1/YGR150C) of *Saccharomyces cerevisiae* encodes an RNA-binding protein from the pentatricopeptide repeat family required for the maintenance of the mitochondrial 15S ribosomal RNA.
Genetics. 2010, 184(4):959-73.
IF = **4.08**, Cytowania = **18**.
4. **Malecki M**, Jedrzejczak R, Puchta O, Stepien PP, Golik P; In vivo and in vitro approaches for studying the yeast mitochondrial RNA degradosome complex
Methods Enzymol. 2008, 447:463-88.
IF = **2.31**, Cytowania = **10**.
5. **Malecki M**, Jedrzejczak R, Stepien PP, Golik P. *In vitro* reconstitution and characterization of the yeast mitochondrial degradosome complex unravels tight functional interdependence.
J Mol Biol. 2007, 372(1):23-36.
IF = **4.47**, Cytowania = **36**.
6. Gewartowski K, Tomecki R, Muchowski L, Dmochowska A, Dzwonek A, **Malecki M**, Skurzak H, Ostrowski J, Stepien PP; Up-regulation of human PNPase mRNA by beta interferon has no effect on protein level in melanoma cell lines.
Acta Biochim Pol 2006, 53(1):179-88
IF = **1.46**, Cytowania = **7**
7. **Malecki M**, Stepien PP; Mechanizmy degradacji mRNA.
Postępy Biochemii 2003 49 (2), 58-67

-
- Publikacje otrzymane w wyniku pracy wykonanej na pierwszym stażu podoktorskim (ITQB, Portugalia)

Moja praca podczas stażu podoktorskiego odbywanego w ITQB skupiała się wokół badania funkcji enzymu Dis3L2 w drożdżach *Schizosaccharomyces pombe*, ten aspekt został dokładnie omówiony w sekcji opisującej moje główne osiągnięcie naukowe. Dodatkowo byłem zaangażowany w badanie funkcji egzonukleaz RNA u bakterii *Escherichia coli*. Ta część mojej aktywności zaowocowała publikacją w której pokazujemy, że jedna z głównych bakteryjnych egzonukleaz RNaza R oddziałuje z bakteryjnymi rybosomami (Malecki i wsp. *BMC Microbiol* 2014). Byłem też zaangażowany w przygotowanie kilku artykułów przeglądowych dotyczących różnych aspektów degradacji RNA u eukariota i prokariota (Barria i wsp. *Microbiology* 2013, Reis i wsp. *Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA* 2013, Matos i wsp. *Ribonucleases* 2011).

Lista publikacji (bez publikacji uwzględnionych w punkcie 5) :

1. **Malecki M**, Barria C, Arraiano CM; Characterization of the RNase R association with ribosomes.
BMC Microbiol. 2014, Feb 11; 14:34
IF = **2.97**, Cytowania = **9**.
2. Barria C, **Malecki M**, Arraiano CM; Bacterial adaptation to cold.
Microbiology. 2013 Dec;159(Pt 12):2437-43
IF = **2.835**, Cytowania = **79**.
3. Reis FP, Pobre V, Silva IJ, **Malecki M**, Arraiano CM; The RNase II/RNB family of exoribonucleases: putting the 'Dis' in disease
Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA 2013 4(5), 607-615
IF = **6.15**, Cytowania = **18**.
4. Matos RM, Pobre V, Reis FP, **Malecki M**, Andrade JM, Arraiano CM; Structure and degradation mechanisms of 3' to 5' exoribonucleases
Ribonucleases, 2011 193-222 (rozdział książki), Część serii *Nucleic Acids and Molecular Biology* wydawnictwo *Springer*, Cytowania = **5**.

-
- Publikacje otrzymane w wyniku pracy wykonanej na drugim stażu podoktorskim (UCL).

Podczas mojego drugiego stażu podoktorskiego byłem zaangażowany w prace opisujące kontrolę metabolizmu energetycznego u drożdży *Schizosaccharomyces pombe*, ten aspekt jest opisany dokładniej w sekcji dotyczącej mojego głównego osiągnięcia naukowego. Dodatkowo zaangażowany byłem w projekty innych członków zespołu naukowego w którym pracowałem (Bitton i wsp. *Genome Res* 2015, Ellis i wsp. *Genetics* 2018, Atkinson i wsp. *RNA* 2018). Część prac z tego okresu mojej działalności naukowej nadal będzie opublikowana, w przygotowaniu jest artykuł w którym jestem pierwszym autorem, dotyczący tematu metabolizmu energetycznego drożdży. Dodatkowo

opublikowany będzie artykuł opisujący funkcje niekodujących RNA u drożdży w którym będę jednym z głównych wykonawców.

Lista publikacji (bez publikacji opisanych w punkcie 5) :

1. Bitton DA, Atkinson SR, Rallis C, Smith GC, Ellis DA, Chen YY, **Malecki M**, Codlin S, Lemay JF, Cotobal C, Bachand F, Marguerat S, Mata J, Bähler J; Widespread exon skipping triggers degradation by nuclear RNA surveillance in fission yeast.
Genome Res. 2015, 25(6):884-96
IF = **11.35**, Cytowania = **21**.
2. Ellis DA, Mustonen V, Rodríguez-López M, Rallis C, **Malecki M**, Jeffares DC, Bähler J; Uncovering natural longevity alleles from intercrossed pools of aging fission yeast cells.
Genetics 2018, 210 (2), 733-744
IF = **4.07**, Cytowania = **0**.
3. Atkinson SR, Marguerat S, Bitton DA, Rodríguez-López M, Rallis C, Lemay JF, Cotobal C, **Malecki M**, Smialowski P, Mata J, Korber P, Bachand F, Bähler J; Long noncoding RNA repertoire and targeting by nuclear exosome, cytoplasmic exonuclease, and RNAi in fission yeast.
RNA 2018, 24 (9), 1195-1213
IF = **4.49**, Cytowania = **0**.

-
- Pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze.

Moje pozostałe osiągnięcia naukowe zostały wymienione szczegółowo w załączniku numer 4 (Wykaz opublikowanych prac naukowych i innych osiągnięć).

W skrócie, wśród najważniejszych dla mnie osiągnięć poza opublikowanymi pracami należy wymienić:

1. Przygotowane przeze mnie projekty grantów były nagradzane w prestiżowych konkursach krajowych i międzynarodowych. Dotychczas moje projekty zostały nagrodzone grantami
 - Intra-European Fellowship for Career Development (MC-IEF) 2010-2012 (całkowita kwota dofinansowania - 149 783 EUR)
 - Mobilność Plus 2014* (całkowita kwota dofinansowania – 324 000 PLN)
* nie przyjąłem grantu w związku z otrzymaniem w tym samym czasie stypendium Royal Society.
 - Royal Society Newton International Fellowship 2014 (całkowita kwota dofinansowania - 96 000 GBP)
 - Grant FIRST TEAM Fundacji na rzecz Nauki Polskiej (FNP) 2018-2021 (całkowita kwota dofinansowania – 1 999 645 PLN)
2. Odebrałem dwa staże doktorskie w prestiżowych zagranicznych instytucjach (ITQB-NOVA (Instituto Tecnologia Quimica e Biologica), Portugalia; UCL (University College

London), Wielka Brytania). Zdobyte pozycje na stażu podoktorskim wiązało się z przejściem procedur rekrutacyjnych w obydwu ośrodkach.

3. Dzięki stażom podoktorskim a także uczestnictwu w kilkunastu konferencjach naukowych na całym świecie udało mi się zbudować sieć kontaktów z uznanymi naukowcami ze swojej dziedziny.
4. W czasie mojego doktoratu brałem udział w przygotowaniu i prowadzeniu ćwiczeń dla studentów Uniwersytetu Warszawskiego, dodatkowo w trakcie mojej kariery prowadziłem opiekę naukową nad pracą laboratoryjną studentów na różnych etapach kariery (w sumie opiekowałem się pracą 16-stu osób).
5. Dzięki doświadczeniu zdobytemu za granicą, a także uczestnictwu w kursach i szkoleniach udało mi się poszerzyć znacznie wachlarz moich umiejętności. Moja praca przed doktoratem skupiała się na badaniu właściwości biochemicznych białek zaangażowanych w metabolizm RNA. Po doktoracie miałem okazję poznać techniki pracy z drożdżami, nauczyć się nowoczesnych technik wysokoprzepustowego sekwencjonowania, analizy mikromacierzowych, oraz komputerowej analizy danych i podstaw programowania.

Z poważaniem

Dr Michał Małecki

