Gliwice Scientific Meetings 2005
18-19 November

Friday, 18th November

10.00 - 10.15	Opening ceremony and congratulation to Professor Mieczysław Chorąży
10.15 – 11.15	Session I
11.15 - 11.30	Coffee break
11.30 - 13.00	Session I cont.
13.00 - 14.00	Lunch break/poster viewing
14.00 – 16.00	Session II
16.00 – 17.00	Coffee break and poster session
17.00 – 19.00	Session III
20.00 -	Social events/party

Session I: **Structure and Function of the Genome, Epigenetic Mechanisms**

Part I

William T. Garrard – UT Southwestern Medical Center, Dallas: ***Mechanisms of activation and silencing of the immunoglobulin kappa locus***

Andrzej Jerzmanowski – Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Science, Warszawa: ***Chromatin remodeling and linker histones in plant development***

Part II

Sergey Razin – Institute of Molecular Biology, RAS, Moscow: ***Assembly of nuclear matrix - bound protein complexes involved in non-homologous end joining is induced by inhibition of DNA topoisomerase II***

Harry Sherthan – Institute of Radiobiology (Bundeswehr), Muenchen: ***Satellite DNA, meiotic telomeres and chromosome evolution***

Jan Barciszewski - Institute of Bioorganic Chemistry, Polish Academy of Sciences, Poznań: ***Diagnosis and therapy of brain tumors***

Session II: **Response to Stress and Alterations of Genome and Transcriptome in Cellular Pathology**

Lise Lotte Hansen – University of Aarhus, Aarhus: ***Genomic instability of the HCP region in somatic breast cancer***

Ryszard Oliński - Nicolaus Copernicus University, Bydgoszcz: ***Clinical significance of oxidative DNA damage***

Krzysztof Szyfter - Institute of Human Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań: ***Progression of head and neck cancer studied by molecular cytogenetics***

Stanisław Cebrat – University of Wroclaw, Wrocław: ***The role of crossing-over in the computer simulated populations***

Session III: **Protein Sciences in Biology and Medicine**

Part I

Alfred Pingoud - Justus-Liebig-Universitaet, Giessen, Germany: ***Engineering of meganucleases***

Janusz M. Bujnicki – International Institute of Molecular and Cell Biology, Warszawa: ***Protein structure prediction by combination of fold-recognition and de novo holding***

Michał Dadlez – Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Science, Warszawa: ***Application of mass spectrometry for the studies of proteomes***

Saturday, 19th November

Session III: **Protein Sciences in Biology and Medicine,** *Part II*
Session IV: **Therapeutic Strategies in Contemporary Oncology**

Parallel Events (in Polish):

in Institute of Oncology:

- Satellite Symposium "**New Drugs and Therapeutic Strategies in Contemporary Oncology**"

in Silesian University of Technology:

- **Workshop on Biostatistics and Bioinformatics**

9.00 – 10.30	Session III cont.
10.30 - 10.45	Coffee break
10.45 –12.15	Session IV
12.15 – 13.15	Lunch break
13.15 – 14.00	Poster reports and discussion
14.00 – 14.15	Closing remarks

Session III: **Protein Sciences in Biology and Medicine**

Part II

Jerzy Ostrowski – MSC Cancer Center and Institute of Oncology, Warszawa: ***Strengths and limitations of microarray- and mass spectrometry-based methods in clinical research***

Krzysztof Puszyński - Silesian University of Technology, Gliwice: ***Logical analysis of proteomic data***

Marcin Pacholczyk - Silesian University of Technology, Gliwice: ***Some algorithms of molecular docking***

Session IV: **Therapeutic Strategies in Contemporary Oncology**

Pedro de Campos-Lima – Laval University, Quebec: ***New strategies in therapy of virus- caused tumors***

Marek Łoś - University of Manitoba, Winnipeg: ***Apoptin - a novel, cancer-selective killer***

Andrzej Świerniak, Grzegorz Gala - Silesian University of Technology, Gliwice: ***Antiangiogenic therapy as a control problem***

Sympozjum satelitarne:

NOWE LEKI I STRATEGIE TERAPEUTYCZNE WE WSPÓŁCZESNEJ ONKOLOGII

Moderatorzy: Czesław Radzikowski, Stanisław Szala

Piotr Wysocki (Akademia Medyczna, Poznań): ***Efekt przeciwnowotworowy kaptoprilu – druga strona medalu***

Elżbieta Pajtasz-Piasecka (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław): ***Aktywność przeciwnowotworowa szczepionki na bazie komórek dendrytycznych transdukowanych genami mysiej IL-12 lub IL-2 u myszy z zaawansowanym nowotworem MC38***

Dominika Nowis, Marcin Makowski, Tomasz Grzela, Ewa Wilczek, Grzegorz Wilczyński, Magdalena Legat, Józef Dulak, Alicja Józkowicz, Mariusz Adamek, Tomasz Stokłosa, Marek Jakóbisiak i **Jakub Gołąb** (Warszawska Akademia Medyczna, Warszawa): ***Badanie mechanizmów niszczenia komórek nowotworowych przez terapię fotodynamiczną oraz próby potęgowania jej efektywności***

Danuta Duś (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław): ***Białka oporności wielolekowej w komórkach macierzystych krwi***

Maciej Ugorski (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław): ***Wykorzystanie RNAi do hamowania ekspresji glikozylotransferaz***

Joanna Wietrzyk, Magdalena Rybak, Andrzej Kutner, Adam Opolski (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław): ***Toksyczność nowych analogów witaminy D i ich aktywność in vitro w terapii kombinowanej z cytostatykami w modelu raka gardła***

Katarzyna Szczaurska, Krystyna Dąbrowska, Janusz Boratyński, Beata Weber-Dąbrowska, Andrzej Górski i **Adam Opolski** (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław): ***Aktywność przeciwnowotworowa bakteriofagów w terapii skojarzonej z cytostatykami***

Janusz Boratyński (Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, Wrocław): ***Koniugaty metotreksat – nośnik – właściwości chemiczne i biologiczne***

Aleksandra Rusin, Zbigniew Jedliński (Centrum Onkologii, Gliwice): ***Przeciwnowotworowe i przeciwzapalne właściwości nowych koniugatów niesteroidowych leków przeciwzapalnych i oligomerów 3-hydroksymaślanu***

Tomasz Cichoń, Ryszard Smolarczyk, Aleksander Sochanik, Stanisław Szala (Centrum Onkologii, Gliwice): ***Kombinacja cyklofosfamidu z cytokinami indukowanymi przez sekwencje CpG DNA w hamowaniu wzrostu doświadczalnych przerzutów czerniaka B16(F10) w płucach myszy***

Biostatistics and Bioinformatics – workshops

organizers: Jacek Leluk (ICM, Warszawa) and Andrzej Polański (Silesian Technical University Śląska, Gliwice)
workshops will be held on the premises of the Technical University.

Lecture:

Biostatistics and computational tools in the analysis of biological data

Workshops:
Problem oszacowania stopnia istotności homologii białek i sekwencji nukleotydowych; Algorytm semihomologii genetycznej;
Aplikacje algorytmów porównywania sekwencji układów biologicznych;
Zmienność białek a model Markowa;
Przegląd metod identyfikacji sekwencji kodujących w genomie;
Praktyczna prezentacja podstawowych programów do analizy teoretycznej, przewidywania struktury drugorzędowej oraz modelowania białek.

Warsztaty z bioinformatyki, *prowadzący – dr hab. Jacek Leluk*

1. Problem oszacowania stopnia istotności homologii porównywanych białek i sekwencji nukleotydowych (przegląd stosowanych metod):
- podstawy analizy stopnia identyczności i podobieństwa sekwencji;
- niezbędne kryteria, uwzględniane przy oszacowaniu istotności podobieństwa porównywanych sekwencji;
- stopień identyczności, podobieństwo i homologia porównywanych sekwencji;
- algorytm oszacowania istotności stopnia identyczności. Procent identyczności, a długość sekwencji. Program SSSS - jego przeznaczenie i obsługa;
- dystrybucja pozycji identycznych wzdłuż porównywanych łańcuchów, jako istotne kryterium analizy podobieństwa sekwencji aminokwasowych i nukleotydowych;
- sekwencje o niskim stopniu identyczności. Kryteria fizykochemiczne i genetyczne jako narzędzia wspomagające w oszacowaniu faktycznej relacji porównywanych sekwencji aminokwasowych;
- porównanie analizy podobieństwa za pomocą matrycy unitarnej, prostego oszacowania procentowej identyczności, narzędzi z grupy BLAST oraz za pomocą programu SSSS.

2. Algorytm semihomologii genetycznej:
- podstawowe założenia algorytmu i jego struktura;
- trójwymiarowy diagram tanzycji/transwersji na poziomie nukleotydowym i aminokwasowym;
- aplikacja dot-matrix i program SEMIHOM;
- zastosowanie algorytmu semihomologii genetycznej do analizy porównawczej różnych rodzin białkowych;
- możliwości aplikacyjne algorytmu semihomologii genetycznej i informacje uzyskiwane w wyniku jego zastosowania.

3. Aplikacje algorytmów porównywania sekwencji układów biologicznych - użyteczność, stosowalność, zgodność, ilość informacji możliwej do uzyskania. Statystyczna i niestatystyczna analiza porównawcza sekwencji białkowych - UM, GCM, MDM, PAM, BLOSUM, FASTA, BLAST, SEMIHOM:
- rozwój algorytmów porównania teoretycznego sekwencji - rys historyczny;
- charakterystyka podstawowych typów algorytmów - macierz unitarna (UM), macierz kodu genetycznego (GCM), algorytmy statystyczne i programy (ClustalW, Multalign, FASTA) oraz statystyczne matryce (PAM i BLOSUM); algorytm semihomologii genetycznej jako przykład niestatystycznego podejścia do analizy porównawczej sekwencji białkowych;
- porównanie różnych algorytmów pod względem użyteczności, zgodności i możliwości aplikacyjnych.

4. Zmienność białek a model Markowa substytucji aminokwasów w białkach:
- interpretacja wymiany mutacyjnej nukleotydów i aminokwasów jako odwzorowanie łańcuchów Markowa (w czasie mierzonym liczbą zachodzących zdarzeń);
- zastępowanie aminokwasów na drodze pojedynczej tranzycji/translacji jest procesem niemarkowowskim - dowód teoretyczny i empiryczny;
- przegląd stosowanych metod porównawczych sekwencji w świetle ich odwoływania się do markowowskiego procesu wymiany; konsekwencje zastosowania obu rodzajów podejścia.

5. Przegląd metod identyfikacji sekwencji kodujących w genomie:
- metody oparte na wzorcowym DNA kodującym;
- metody niewymagające wzorcowego kodującego DNA.

6. Praktyczna prezentacja podstawowych programów do analizy teoretycznej, przewidywania struktury drugorzędowej oraz modelowania białek. (Predict7, ProtSA, Antheprot, SSSS, GEISHA, Consensus Constructor).