

dr Klaudia Brodaczewska

Pracę doktorską wykonywała na Uniwersytecie Warszawskim, na Wydziale Biologii w Zakładzie Parazytologii w tematyce wpływu zarażeń nicieniami jelitowymi na układ odpornościowy żywiciela. Następnie realizowała badania dotyczące roli hipoksji w raku nerki w zespole prof. C. Szczylika. Następnie, kontynuowała badania nad niedotlenieniem, ze szczególnym uwzględnieniem angiogenezy pod kierownictwem prof. C. Kieda. Obecnie wraz ze swoimi współpracownikami kontynuuje badania nad nowotworami, wykorzystując hodowle w niskim pO₂ oraz modelach 3D. Prowadzi także badania dotyczące charakterystyki odpowiedzi immunologicznej m. in. U pacjentów z COVID19

W ramach badań opracowujemy modele organoidów z guzów nowotworowych, które mogą być narzędziem medycyny spersonalizowanej jako metoda wyboru najskuteczniejszego leku. Zajmujemy się także testowaniem właściwości przeciwnowotworowych różnych substancji w wykorzystaniem szerokiego panelu linii komórkowych, różnych warunków hodowli oraz testów funkcjonalnych. Ponadto, uczestniczymy w badaniach klinicznych, charakteryzując odpowiedź immunologiczną w przebiegu różnych chorób, m. in. mgły covidowej.

prof. Claudine Kieda

Ekspert w dziedzinie biologii i fizjologii molekularnej. Wieloletnie związana z Centre de Biophysique Moléculaire Centre National de la Recherche Scientifique (CBM CNRS) w Orleanie. Od 2009 roku profesor belwederski. Autorka ponad 190 artykułów w czasopismach recenzowanych oraz 14 patentów międzynarodowych z zakresu biofizyki molekularnej oraz biochemii.

Główną strategią prowadzonych badań jest łagodzenie patologicznej hipoksji (nieodtlenienia) poprzez normalizację naczyń krwionośnych w wybranych jednostkach chorobowych. Wykorzystywane metody to: celowane terapie genowe, modyfikacje hemoglobiny w celu zwiększenia uwalniania tlenu z erytrocytów, naprawa naczyń krwionośnych w oparciu o selektywną rekrutację komórek śródbłonka (organospecyficzna z wykorzystaniem komórek progenitorowych śródbłonka) oraz hodowle komórkowe (2D oraz 3D) w kontrolowanych warunkach (hipoksji i normoksji) Obszar prowadzonych badań naukowych: nowotwory, choroby serca, endometrioza, choroby neurodegeneracyjne.

dr hab. Jacek Kubiak

Dr Jacek Z. Kubiak studiował biologię na Uniwersytecie Warszawskim. Uzyskał tytuł magistra w 1983 roku za pracę nad rolą mikrotubul w komórkach korzenia cebuli. Następnie dołączył do grupy badawczej prof. Andrzeja K. Tarkowskiego w Zakładzie Embriologii Instytutu Zoologii Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego. Stopień doktora uzyskał w 1988 roku na tej samej uczelni za pracę na temat rozwoju przedjądrzy, roli lamin jądrowych i mikrotubul w zarodkach myszy. Po trzech latach stażu podoktorskiego pod kierunkiem dr Bernarda Maro w Instytucie Jacquesa Monoda w Paryżu uzyskał stanowisko w CNRS we Francji. Habilitował się w roku 2000 na Uniwersytecie Rennes i uzyskał stanowisko Directeur de Recherche (odpowiednik profesury) w CNRS.

Zespół pracuje nad regulacją cyklu komórkowego i apoptozy w komórkach nowotworowych uzyskanych z wątroby i nerki. Głównym zadaniem jest określenie molekularnej roli tandemu regulujących się nawzajem białek TCTP i p53 oraz wpływu hipoksji na procesy kontrolowane przez te

białka. Badania roli tych białek prowadzone są na liniach nowotworowych i nietransformowanych komórek wątroby hodowanych in vitro. Potencjalnym finalnym celem tych prac jest określenie możliwości zastosowania wyciszenia ekspresji białka TCTP w terapii przeciwnowotworowej. Zespół interesuje się również wczesnymi etapami rozwoju gonad, a szczególnie procesami molekularnymi determinacji losów, różnicowania i regulacji cyklu komórkowego komórek somatycznych wczesnych gonad pochodzących z nabłonka płodowego mesonephros. Chcemy również określić role hipoksji w rozwoju gonad i w fizjologii ich komórek somatycznych. Badania prowadzone są na gonadach myszy. Natomiast na komórkach ludzkich hodowanych in vitro badamy rolę wybranych genów znanych z zaanagażowania w rozwój gonad w procesach nowotworzenia. Te badania prowadzimy na liniach nowotworowych i nietransformowanych komórek nerki o wspólnej ontogenezie z zawiązkami gonad.

prof. Leszek Lisowski

Profesor Leszek Lisowski jest badaczem zajmującym się inżynierią genetyczną wektorów wirusowych oraz inżynierią genomową wykorzystywaną w metodach terapii genowej. Uzyskał tytuł doktora w zakresie badań związanych z opracowywaniem wektorów lentiwirusowych do leczenia β -talasemii a następnie ukończył staż doktorski na Uniwersytecie Stanforda, gdzie poprzez krzyżowanie wielogatunkowe opracował projektowanie, wytwarzanie i modyfikacje rekombinowanych wektorów wirusa adenowirusowego (rAAV). Stworzył pierwszy bioinżynieryjny rAAV do zastosowań klinicznych.

Praca zespołu skupia się na opracowywaniu terapii genowych z wykorzystaniem wektorów wirusowych. Poszukujemy nowych, naturalnych wariantów wirusów AAV2, które mogą być skutecznymi nośnikami genów terapeutycznych. Celem badań jest nowych narzędzi do leczenia m. in. hemofilii, rdzeniowego zaniku mięśni, chorób siatkówki i wątroby o podłożu genetycznym.

dr Marcin Pękalski (nowy zespół, dopiero tworzony)

Nabył doświadczenie naukowe w dziedzinie immunologii i genetyki chorób autoimmunologicznych, w tym cukrzycy typu 1, pracując w Diabetes and Inflammation Laboratory na Uniwersytecie Cambridge oraz na Uniwersytecie Oksfordzkim w Wielkiej Brytanii. Jego badania przyczyniły się do odkryć w dziedzinie biologii limfocytów T u noworodków. Jest również autorem prac klinicznych, które opisują efekty stosowania immunoterapii m.in. z interleukiną-2 w leczeniu cukrzycy typu 1.

Koncentruje się na badaniu rozwoju układu immunologicznego w początkowych etapach życia ludzkiego, genezie chorób autoimmunologicznych z uwzględnieniem roli naturalnej mikroflory bakteryjnej i grzybic w kształtowaniu tzw. tolerancji immunologicznej. Jego najważniejszym odkryciem jest zidentyfikowanie specyficznych mechanizmów genetycznych i środowiskowych (w mikrobiomie), odpowiedzialnych za rozwój autoimmunologicznej reakcji przeciwko ludzkiej insulinie.

dr hab. Aneta Ścieżyńska / prof. Anna Lutyńska (nowy zespół)

Prace zespołu badawczego skoncentrowane są na identyfikacji molekularnych mechanizmów patogenezы endometriozy. Głównym celem prowadzonych badań jest wyodrębnienie kluczowych biomarkerów, które mogą przyczynić się do lepszego zrozumienia etiologii endometriozy oraz opracowanie nowoczesnych metod diagnostycznych pozwalających na wczesne wykrycie i monitorowanie progresji choroby. W ramach badań zespół stosuje szereg zaawansowanych technik molekularnych, takich jak hodowle komórkowe, pomiar ekspresji genów i obrazowanie

immunofluorescencyjne, w tym także techniki omiczne, mające na celu identyfikację potencjalnych celów terapeutycznych na poziomie proteomu i metabolomu. Jednym z priorytetów zespołu jest przełożenie wyników badań podstawowych na ich praktyczne zastosowanie, co może w przyszłości przyczynić się do wprowadzenia nowych schematów diagnostycznych endometriozy oraz powstania nowych strategii terapeutycznych tej choroby.

dr Robert Zdanowski

Toksykolog, epidemiolog, biolog molekularny, doktor nauk biologicznych, diagnosta laboratoryjny. Specjalizuje się w badaniach odpowiedzi immunologicznej w alergii, nowotworach i innych chorobach cywilizacyjnych. Pracuje także nad poznaniem mechanizmów działania regulatorowego limfocytów T i B oraz angiogenezy (i jej roli w fizjologii i patologii chorób).

Prace zespołu, od momentu powstania (2022 rok) skupiają się wokół innowacyjnych terapii i technologii medycznych. W przeważającej części są to nowoczesne terapie komórkowe lub komórkowo-genowe. Badania te opierają się przede wszystkim o techniki hodowli komórkowych prowadzonych i optymalizowanych w układzie 3D. Przeprowadzane eksperymenty dają podstawę do modelowania wielu chorób cywilizacyjnych w tym neurodegeneracyjnych. Jednym z najistotniejszych aspektów badawczych, mających ogromne znaczenie w prowadzonych pracach badawczych, są badania związane z mezenchymalnymi komórkami macierzystymi oraz organospecyficznymi komórkami progenitorowymi.

Ponadto w skład LOMTI wchodzi:

Pracownia Immunologii Molekularnej

oferująca diagnostykę molekularną alergii wziewnej i pokarmowej z wykorzystaniem nowoczesnego, opartego na nanotechnologii testu immunologicznego w fazie stałej (tekst do diagnostyki molekularnej alergii), oferującego obecnie na rynku największy panel badanych równocześnie 295 alergenów, obejmujący 117 ekstraktów alergenowych i 178 molekuł oraz półilościowy pomiar całkowitej Immunoglobuliny E (tIgE) w małej ilości osocza lub surowicy ludzkiej. Uzyskane wyniki umożliwiają m.in. pogłębienie dotychczasowej diagnostyki alergii; skracają czas na postawienie prawidłowej diagnozy; wskazują zasadniczy alergen wywołujący objawy kliniczne; umożliwiają rozpoznanie alergii i dobór optymalnego, spersonalizowanego leczenia oraz identyfikację osób o zwiększonym ryzyku cięższego przebiegu alergii (m.in. prawdopodobieństwo wystąpienia reakcji krzyżowych na kilka alergenów łącznie ze wstrząsem anafilaktycznym).