

WYKSZTAŁCENIE I DOŚWIADCZENIE

- 2021-2024 — studia I st. z **biologii** na WB UAM
- 2024-2026 — studia II st. z **bioinformatyki** na WB UAM
- od 2024 — zatrudnienie w zakł. Biometrii i Bioinformatyki Instytutu Genetyki Roślin

Dodatkowo w ramach indywidualnego toku studiów (ITS):

- *Podstawy Chemii Organicznej* na Wydziale Chemii UAM
- *Matematyka Dyskretna* dla studentów Bioinformatyki I st.
- *Biologia Strukturalna* dla studentów Biotechnologii II st.

Główne zainteresowania naukowe:

- mechanizmy molekularne i powiązane z nimi metody eksperymentalne,
- struktura biomolekuł i relacja struktura-funkcja,
- zastosowania matematyki i informatyki do rozwiązywania problemów biologicznych.

PRACA LICENCJACKA

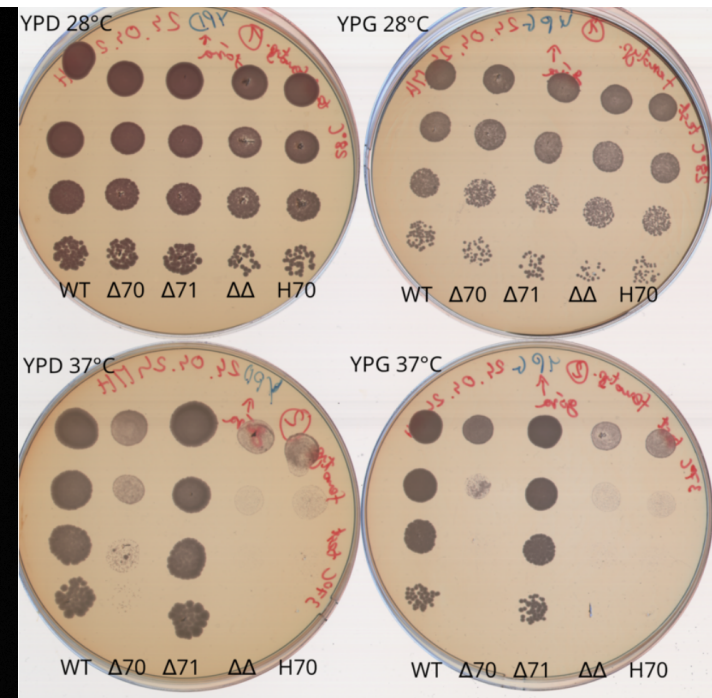
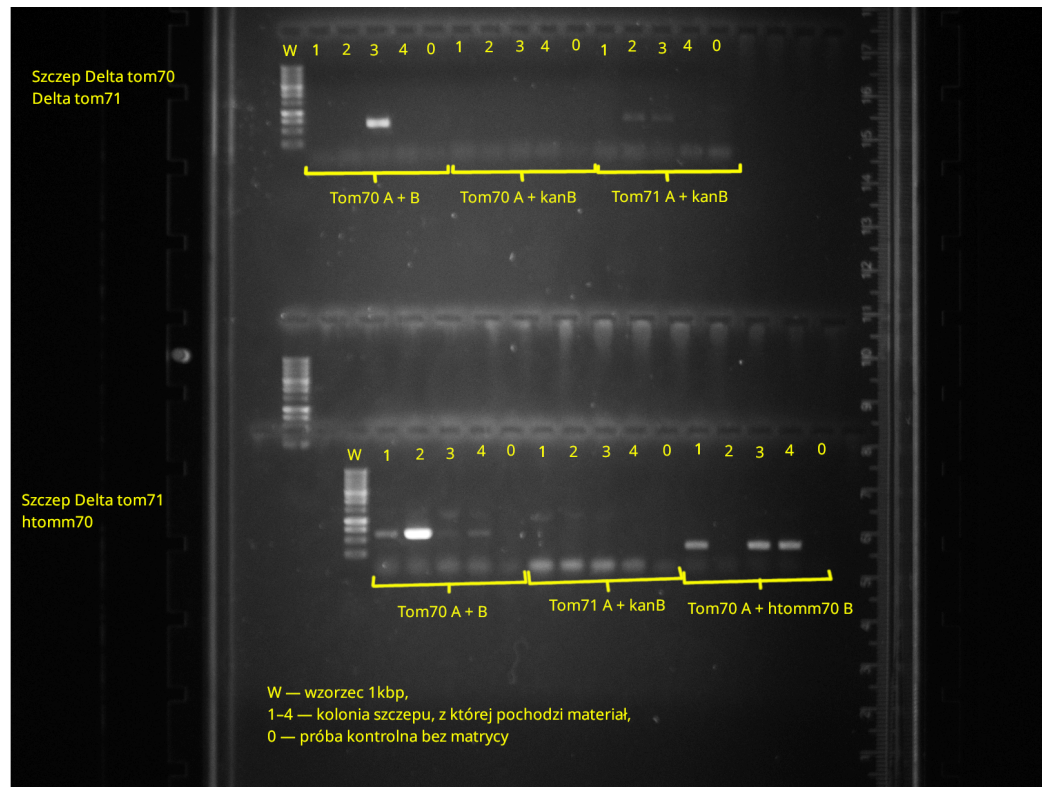
Tytuł: “*Analiza funkcjonalna ludzkiego białka Tom70 w komórkach drożdży Saccharomyces cerevisiae z mutacją tom70/tom71*”; Promotor: dr hab. Andonis Karachitos.

Celem pracy było sprawdzenie czy zoptymalizowany pod względem użycia kodonów ludzki gen *hTomm70* może funkcjonować jako zamiennik natywnego genu *Tom70* receptora kompleksu translokazy zewnętrznej błony mitochondrialnej (TOM), występującego w drożdżach *S. cerevisiae*.

Zakres prac:

- hodowla drożdży *S. cerevisiae*,
- transformacja w celu uzyskania zmodyfikowanych szczepów,
- genotypowanie szczepów z wykorzystaniem starterów flankujących sekwencję genu,
- testy wzrostowe na pożywkach w różnych warunkach termicznych, na pożywkach stałych lub płynnych, zawierających glukozę lub glicerol,
- analiza statystyczna wyników.

PRACA LICENCJACKA, CONT.



PRACA MAGISTERSKA

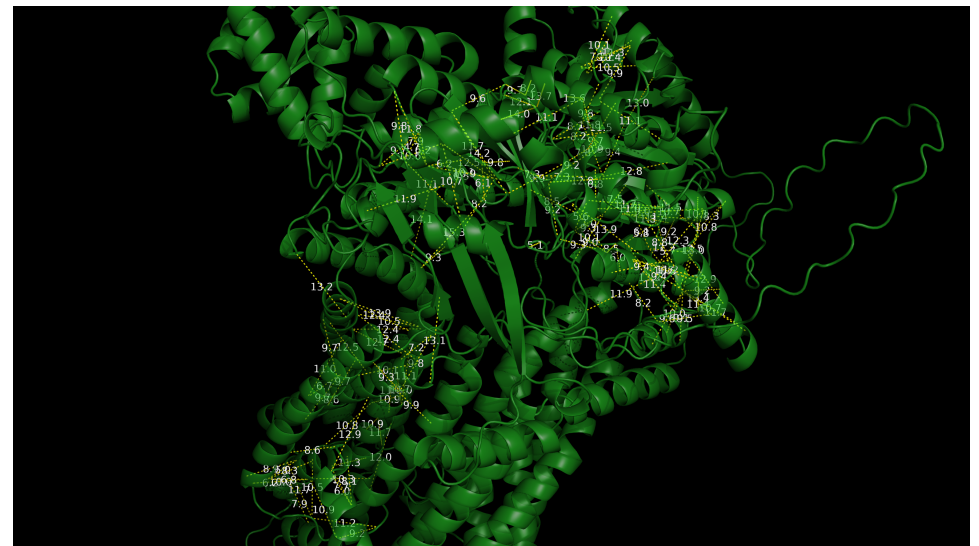
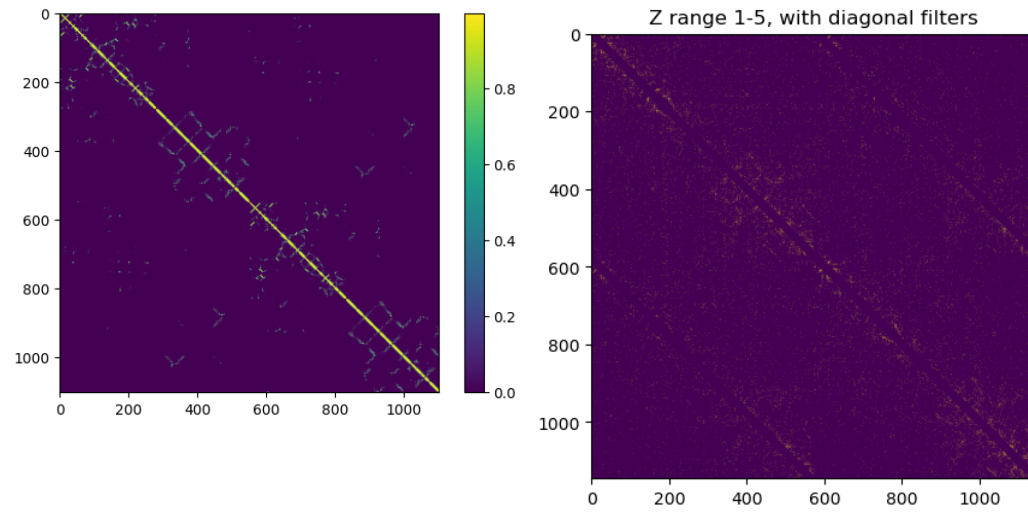
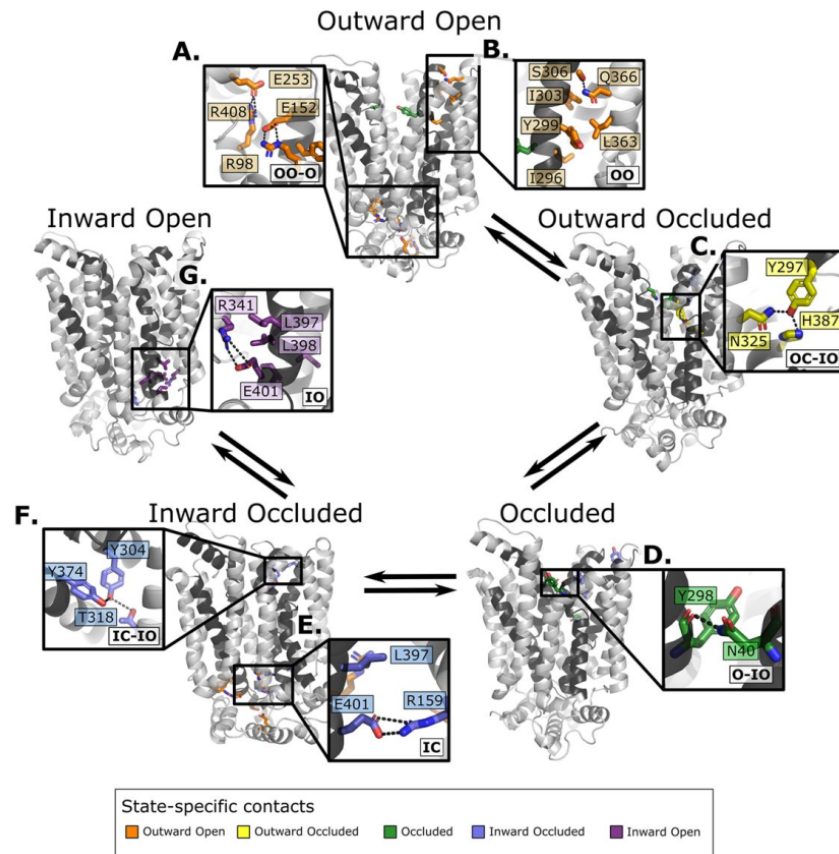
Tytuł: *“Developing and exploiting state-specific descriptors of conformational cycle of ABC transporters”* (w języku ang.); Promotor: dr hab. Jan Brezovský.

Celem pracy było zastosowanie metody opisanej w [Reconstructing the transport cycle in the sugar porter superfamily using coevolution-powered machine learning, Mitrovic et al. 2023](#) do identyfikacji kontaktów aminokwasowych specyficznych dla konformacji występujących w cyklu transportowym transporterów ABCG.

Zakres prac:

- utworzenie biblioteki sekwencji białkowych transporterów ABCG,
- przewidywanie kontaktów aminokwasowych na podstawie biblioteki sekwencji,
- obliczenie map kontaktów aminokwasowych dla znanych strukturach ABCG,
- filtrowanie map kontaktów z wykorzystaniem wyników analizy koewolucji,
- zastosowanie sieci konwolucyjnych (CNN) i maszyny wektorów nośnych (SVM) do przypisania strukturom konformacji na podstawie ich mapy kontaktów,
- zastosowanie metod rozwiązywania problemów: dysproporcji klas, małego zestawu uczącego i walidacyjnego oraz wysokiej wymiarowości,
- ewaluacja skuteczności modeli CNN i SVM w wyszukiwaniu kontaktów specyficznych dla konformacji.

PRACA MAGISTERSKA, CONT.



STAŻE I PRAKTYKI

Jako stypendysta w zakł. Biologii Molekularnej i Systemowej IChB PAN
marzec-czerwiec 2025

Praca nad usprawnieniem potoku analitycznego do analizy danych RACE-Seq 3'
końców RNA.

Praktyki studenckie w zakł. Sond Molekularnych i Proleków IChB PAN
lipiec 2023

Udział w pracach nad syntezą nowych inhibitorów specyficznych dla CDK1 lub CDK2
oraz przeprowadzenie testów inhibicji.

Staż w Lab. Technik Biologii Molekularnej WB UAM
2021-2024

Prowadzenie hodowli komórkowych oraz udział w molekularnych badaniach
pozachromosomowych kolistych DNA (eccDNA).

DOŚWIADCZENIE I UMIEJĘTNOŚCI

Laboratoryjne

- biologia molekularna i komórkowa:
 - hodowla komórek ssaczych (HEK293T, HeLa, a498),
 - izolacja DNA/RNA, jąder kom.
 - PCR,
 - elektroforeza,
 - sekwencjonowanie.
- chemia:
 - chromatografia: TLC, kolumnowa,
 - podstawy charakterystyki próbki za pomocą widm IR, NMR, MS
 - składanie i obsługa zestawów do syntezy organicznej.

Obliczeniowe

- programowanie w językach Python, R, Bash,
- obsługa wysokowydajnych klastrów obliczeniowych (HPC),
- statystyka i analiza danych, uczenie maszynowe (ML) dla danych z sekwencjonowania i struktur białkowych,
- genomika człowieka i roślin,