

Lista osiągnięć naukowych lub artystycznych, które wniosły znaczący wkład w rozwój konkretnej dyscypliny

Dr Rajani Kanth Gudipati, Centrum Zaawansowanych Technologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

rajani.gudipatti@amu.edu.pl

I. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH LUB ARTYSTYCZNYCH, OKREŚLONYCH W ART. 219 UST. 2 USTAWY

1. Seria powiązanych tematycznie artykułów naukowych zgodnie z art. 219 ust. 1 pkt 2b ustawy;

Po uzyskaniu stopnia doktora:

Ukończyłem studia doktoranckie, badając mechaniczne aspekty terminacji transkrypcji, wykorzystując jako modelowy system drożdże *Saccharomyces cerevisiae*. Jestem głęboko przekonany, że aby stać się wszechstronnym naukowcem, konieczna jest zmiana zarówno środowiska badawczego, jak i obszaru zainteresowań naukowych. Mając to na uwadze, przeszedłem do nowego obszaru badań, badając rolę proteaz, wykorzystując jako organizm modelowy *Caenorhabditis elegans*. W tym nowym systemie po raz pierwszy odkryłem kluczową rolę proteazy DPF-3 w szlakach małych RNA i utrzymaniu genomu. Moja praca zaowocowała czterema publikacjami, które łącznie ujawniają molekularny mechanizm działania DPF-3. Badania te stanowią podstawę mojego wniosku o nadanie stopnia doktora habilitowanego zatytułowanego „*Regulacja funkcji Argonaute i specyficzności substratu w szlakach małych RNA przez proteazy*”.

1. Protease-mediated processing of Argonaute proteins controls small RNA association.
Gudipati RK*, Braun K, Gypas F, Hess D, Schreier J, Carl S, Ketting RF and Großhans H*.

*Corresponding author

Mol. Cell. 2021 Jun 3;81(11):2388-2402.

Impact Factor: 14.5

MNiSW points: 200

Wymyśliłem koncepcję i wyhodowałem wymagane zwierzęta transgeniczne przy użyciu dwóch różnych technologii edycji genomu: Mos1 mediated Single Copy Integration (MosSCI) oraz Clustered Regularly Interspaced short palindromic repeats (CRISPR-Cas9). Scharakteryzowałem fenotypy wszystkich zmutowanych zwierząt transgenicznych i przeprowadziłem immunoprecypitację białek Argonaute, a następnie przygotowałem bibliotekę do sekwencjonowania małych RNA. Wyodrębniłem RNA z różnych środowisk genetycznych do sekwencjonowania całkowitego RNA i dokonałem ilościowego oznaczenia uszkodzeń DNA za pomocą barwienia immunofluorescencyjnego. Aby zmapować N-końce białek Argonaute, przeprowadziłem wszystkie immunoprecypitacje i trawienia proteolityczne. Dodatkowo przeprowadziłem wszystkie testy proteazy *in vitro*, aby wykazać aktywność katalityczną DPF-3. Przeanalizowałem dane, przygotowałem wszystkie rysunki i wspólnie z H. Grosshanssem napisałem manuskrypt.

Szczegółowy wkład współautorów:

Braun K – Przeprowadził kilka eksperymentów laboratoryjnych, w tym zliczenie wielkości lęgu (rys. 1A, B i 7A), western blot (rys. 6E, rys. uzupełniający 6B) oraz wyhodował kilka zwierząt transgenicznych.

Gypas F i Carl S – przeanalizowali sekwencjonowanie małych RNA i całkowitego RNA oraz wygenerowali wykresy przedstawione na rys. 3A, B; 4A, B, D; 5A, B i 7B.

Hess D – Przeprowadził spektrometrię masową i dokonał kwantyfikacji różnych peptydów/białek przedstawionych na rys. 6A, C, D i rys. uzupełniającym 6A.

Schreier J i Ketting RF – Wyhodowali jedno ze zwierząt transgenicznych: *pgl-1(xf233[pgl-1::mTagRFP-T]) IV*, udostępnili niepublikowane dane i skomentowali projekt.

Großhans H – Pozyskał fundusze, opracował koncepcję, nadzorował projekt i był współautorem manuskryptu.

2. Deep quantification of substrate turnover defines protease subsite cooperativity.

Gudipati RK, Gaidatzis D, Seebacher J, Muehlhaeusser S, Kempf G, Cavadini S, Hess D, Sonesson C, and Großhans H.

Molecular Systems Biology, 2024 Dec;20(12):1303-1328.

Impact Factor: 8.5

MNiSW points: 200

Mój wkład w tę publikację obejmuje opracowanie koncepcji i projektu badania, a także przeprowadzenie prac eksperymentalnych. Wykonałem wszystkie testy proteazy *in vitro* i oczyściłem peptydy po trawieniu. Wygenerowałem wektory niezbędne do produkcji rekombinowanego DPF-3 i systematycznie testowałem różne warunki i systemy ekspresji w celu optymalizacji jego ekspresji. Uzyskanie rozpuszczalnego rekombinowanego DPF-3 było szczególnie trudne i wymagało zastosowania niekonwencjonalnego podejścia polegającego na hodowli komórek owadów w temperaturze 16 °C. Ponadto przyczyniłem się do analizy danych, przygotowałem wszystkie rysunki i współtworzyłem manuskrypt wraz z H. Grosshanssem.

Szczegółowy wkład współautorów:

Gaidatzis D – przeanalizował dane spektrometrii masowej w celu wygenerowania logo sekwencji i modeli przedstawionych na następujących rysunkach: 1C, EV1, 2, 3, 5, 6, EV3 oraz współautor manuskryptu.

Seebacher J i Hess D – przeanalizowali próbki w spektrometrze masowym i dokonali kwantyfikacji wszystkich peptydów przedstawionych na rysunkach: 1C, EV1, 2, 3, 5, 6, EV3, a także przeanalizowali dodatkowe peptydy, które doprowadziły do powstania rysunków 4A, B, EV2.

Soneson C – pomógł w analizie danych spektrometrii masowej.

Muehlhaeusser S, Kempf G i Cavadini S – brali udział w produkcji białka rekombinowanego, wygenerowali dane strukturalne za pomocą kriomikroskopii elektronowej i zbudowali udoskonalony model struktury DPF-3. Wygenerowane dane przedstawiono na rysunkach: 4C, 7, EV4, EV5.

Großhans H – Pozyskał fundusze, opracował koncepcję, nadzorował projekt i był współautorem manuskryptu.

3. Dipeptidyl peptidase DPF-3 is a gatekeeper of microRNA Argonaute compensation in animals.

Louis-Mathieu H, Pierre-Marc F#, **Gudipati RK#**, Michaud P, Houle F, Young D, Desbiens C, Ladouceur S, Dufour A, Großhans H, Simard MJ.

#Co-second author

Nature Communications, 2025 Mar 20;16(1):2738.

Impact Factor: 14.7

MNiSW points: 200

Opracowałem koncepcję i zidentyfikowałem DPF-3 jako nowy partner interakcyjny ALG-1 za pomocą spektrometrii masowej, a następnie potwierdziłem to za pomocą immunoprecypitacji, a następnie western blot (pokazano na rys. 1A). Wygenerowałem wykresy związane z tym odkryciem i napisałem odpowiednią sekcję w manuskrypcie.

Szczegółowy wkład współautorów:

Louis-Mathieu H – Koncepcja, przeprowadzenie większości eksperymentów, analiza danych i napisanie pierwotnej wersji manuskryptu.

Pierre-Marc F – Koncepcja, stworzenie szczepów mutantów *C. elegans* CRISPR-Cas9 przedstawionych na rys. 4b-e, przegląd i redakcja pierwotnego projektu.

Michaud P – Koncepcja pomysłu.

Houle F – Wygenerowanie oznaczonych szczepów ALG-2 *C. elegans* za pomocą CRISPR-Cas9 przedstawionych na rys. 5 i rys. uzupełniającym 7d.

Desbiens C i Ladouceur S – Przeprowadzenie eksperymentów z mutantami katalitycznymi DPF-3 przedstawionymi na rysunku uzupełniającym 6, przeprowadzenie powtórzeń testów western blot i eksperymentów pulldown przedstawionych na rys. 3.

Young D – Przeprowadzenie eksperymentu TAILS.

Dufour A – Koncepcja eksperymentu TAILS i wskazówki dotyczące jego przeprowadzenia.

Großhans H – Koncepcja i napisanie pierwotnego projektu.

Simard MJ – Koncepcja, badania, analiza formalna, napisanie pierwotnego projektu, recenzja i redakcja, nadzór i pozyskanie funduszy.

4. The *Caenorhabditis elegans* DPF-3 and human DPP4 has tripeptidyl peptidase activity. Trivedi A and **Gudipati RK**

FEBS letters, Accepted Impact Factor: 3

MNiSW points: 100

Dokonałiśmy krytycznej obserwacji rozszczepień w białku WAGO-1, które nie są zgodne

z aktywnością dipeptydylopeptydazy DPF-3. Obserwacja ta stała się podstawą do dalszych badań i ostatecznie dowiodła, że nie tylko *C. elegans* DPF-3, ale także ludzki DPP4 posiadają dodatkową aktywność tripeptydylopeptydazy, co może znacznie rozszerzyć repertuar substratów tych proteaz. Pozyskałem fundusze na te badania, zaprojektowałem i przeprowadziłem eksperymenty, kierowałem pracą pierwszego autora (Aditya Trivedi) i napisałem manuskrypt przy udziale Adityi.

Aditya Trivedi – przeprowadził testy *in vitro* z użyciem substratów fluorogenicznych i napisał manuskrypt odpowiadający tej sekcji.

II. WYKAZ DZIAŁALNOŚCI NAUKOWEJ LUB ARTYSTYCZNEJ

1. Wykaz opublikowanych monografii naukowych (z zaznaczeniem tych, które nie zostały wymienione w punkcie I.1).
2. Wykaz opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych.
3. Lista członkostwa w redakcjach naukowych monografii.
4. Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (z zaznaczeniem tych, które nie zostały wymienione w punkcie I.2).

*poniżej przedstawiono wyłącznie artykuły niewymienione w punkcie I.1

Przed uzyskaniem stopnia doktora

1. Phosphorylation of the RNA polymerase II C-terminal domain dictates transcription termination choice.

Gudipati RK, Villa T, Boulay J, Libri D.

Nat Struct Mol Biol, 2008 Aug;15(8):786-94.

Impact Factor: 12.5

MNiSW points: 200

Jest to główna publikacja przed uzyskaniem tytułu doktora. Opracowałem koncepcję projektu, przeprowadziłem wszystkie eksperymenty, przeanalizowałem dane, stworzyłem wykresy i wspólnie z moim promotorem, dr Domenico Libri, napisałem manuskrypt.

2. Dissecting mechanisms of nuclear mRNA surveillance in THO/sub2 complex mutants.
Rougemaille M, **Gudipati RK**, Raabjerg- Olesen J, Thomsen R, Seraphin B, Libri D, Jensen TH

EMBO J, 2007 May 2;26(9):2317-26.

Impact Factor: 9.4

MNiSW points: 200

Wkład w tę publikację polegał na wyhodowaniu kilku szczepów mutantów i ilościowym oznaczeniu RNA metodą RT-qPCR.

3. THO/Sub2p functions to coordinate 3'-end processing with gene-nuclear pore association.

Rougemaille M, Dieppois G, Kisseleva-Romanova E, **Gudipati RK**, Lemoine S, Blugeon C, Boulay J, Jensen TH, Stutz F, Devaux F, Libri D.

Cell, 2008 Oct 17;135(2):308-21.

Impact Factor: 45.5

MNiSW points: 200

Przeprowadziłem ChIP qPCR w niektórych szczepach mutantów i stworzyłem niezbędne wykresy przedstawiające wyniki qPCR.

4. mRNA journey to the cytoplasm: attire required. (Review).

Rougemaille M, Villa T, **Gudipati RK** and Libri D.

Biol Cell, 2008 Jun;100(6):327-42.

Impact Factor: 2.4

MNiSW points: 70

Jestem współautorem tego artykułu wraz z moim promotorem doktoratu, dr Domenico Libri.

5. CodY activates the transcription of a small RNA in *Bacillus subtilis*.

Preis H, Eckart RA, **Gudipati RK**, Heidrich N, Brantl S.

J Bacteriol, 2009 Sep;191(17):5446-57.

Impact Factor: 2.7

MNiSW points: 100

Wyodrębniłem RNA z bakterii i przeprowadziłem testy Northern blot w celu ilościowego oznaczenia niektórych małych RNA.

Po uzyskaniu stopnia doktora

1. IGF2BPs directly regulate the noncanonical translation of toxic proteins from mutant FMR1 mRNA containing expanded CGG repeats.

Baud A, Saha D, Skrzypczak T, Broniarek I, Niewiadomska D, Szlachcic WJ, Borowski M, **Gudipati RK**, Sobczak K.

Nature Communications, Accepted.

Impact Factor: 14.7

MNiSW points: 200

Zaprojektowałem i wygenerowałem plazmid ekspresji poli(G), który nadaje się do ekspresji w nicieni *Caenorhabditis elegans*. Za pomocą mikroiniekcji wygenerowaliśmy transgeniczny model zwierzęcy *C. elegans* wyrażający poli(G) i dalej scharakteryzowaliśmy jego fenotyp. Przeprowadziliśmy dodatkowe krzyżówki genetyczne i określiliśmy rolę *imph-1* w ekspresji poli(G). Dodatkowo napisałem sekcje manuskryptu opisujące eksperymenty z nicieniami.

2. Extensive degradation of RNA precursors by the exosome in wild type cells.

Gudipati RK, Xu Z, Lebreton A, Séraphin B, Steinmetz LM, Jacquier A and Libri D.
Mol. Cell, 2012 Nov 9;48(3):409-21.

Impact Factor: 14.5

MNiSW points: 200

Wymyśliłem koncepcję, zaprojektowałem i przeprowadziłem wszystkie eksperymenty z wyjątkiem wytworzenia szczepu mutantu *dis-3*. Przeanalizowałem wyniki, stworzyłem wykresy i wspólnie z moim mentorem Domenico Libri napisałem manuskrypt.

3. The yeast RPL9B gene is regulated by modulation between two modes of transcription termination.

Gudipati RK, Neil H, Feurbach F, Malabat C and Jacquier A.

EMBO J, 2012 May 16;31(10):2427-37.

Impact Factor: 9.4

MNiSW points: 200

Opracowałem projekt, zaprojektowałem i wygenerowałem niezbędny plazmid reporter do badania toksyczności miedzi. Przeanalizowałem dane, wygenerowałem wykresy i wspólnie z Alainem Jacquierem napisałem manuskrypt.

4. *In vivo* SELEX reveals novel sequence and structural determinants of Nrd1-Nab3-Sen1 dependent transcription termination.

Porrua-Fuerte O, Hobor F, Boulay J, Kubicek K, D'Aubenton-Carafa I Y, **Gudipati RK**, Stefl R and Libri D.

EMBO J, 2012 Oct 3;31(19):3935-48.

Impact Factor: 9.4

MNiSW Score: 200

Wkład w niniejszą publikację polegał na wyhodowaniu szczepów mutantów i przeprowadzeniu testów Northern blot w celu ilościowego oznaczenia RNA.

5. *Wykaz osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych i technologicznych (wskazujących elementy niewymienione w punkcie I.3).*

Brak

6. *Wykaz publicznych realizacji dzieł artystycznych (z podaniem pozycji niewymienionych w*

pkt I.3).

Brak

7. *Wykaz prezentacji na krajowych lub międzynarodowych konferencjach naukowych lub artystycznych, z podaniem wykładów zaproszonych i wykładów plenarnych.*

PREZENTACJE USTNE

1. Wykład na zaproszenie, Wydział Biologii Rozwoju i Genetyki, Indyjski Instytut Naukowy, Bangalore, Indie, sierpień 2025 r. Tytuł: *Proteostasis Meets Genome Defense: Uncovering a Multilayered Small RNA - Ubiquitin Circuit in Transposon Silencing.*

2. Wykład na zaproszenie, Wydział Farmakologii i Toksykologii, Uniwersytet Arizony, Tucson, czerwiec 2024 r. *Tytuł: Protease Influence on Small RNA Landscape.*
3. Wykład na zaproszenie, Towarzystwo Biologii Rozrodu, Instytut Genetyki Człowieka, Poznań, Polska, maj 2024 r. *Tytuł: Role of a serine protease, DPF-3, in spermatogenesis.*
4. Wykład na zaproszenie, Wydział Nauk Farmaceutycznych, Uniwersytet w Antwerpii, Belgia, 2024 r. *Tytuł: Molecular Architects: Protease Influence on Small RNA Landscapes.*
5. Doroczne spotkanie Towarzystwa RNA, Boulder, USA, czerwiec 2022 r. *Tytuł: Proteolytic activation of endo-siRNA pathways.*
6. 15. mikrosymposium, Wiedeń, Austria, 2021 r. *Tytuł: Protease-mediated processing of Argonaute proteins controls small RNA association.*
7. Krajowe Centrum Kompetencji w Badaniach (NCCR), doroczne spotkanie RNA & Disease, Kandersteg, Szwajcaria, styczeń 2020 r.
8. VerMidi, Paryż, Francja, 2020 r. *Tytuł: Proteolytic activation of endo-siRNA pathways.*
9. Doroczne spotkanie Instytutu Badań Biomedycznych im. Friedricha Mieschera, Pontresina, Szwajcaria, 2018 r.
10. Coroczne spotkanie sieci Basel Postdoc, Zermatt, Szwajcaria, 2017 r.
11. Spotkanie ESF-RNA Quality, Domaine de Seillac, Francja, 2012 r.

PREZENTACJE PLAKATOWE

1. Doroczne spotkanie RNA Society, San Diego, USA, 2025 r. *Tytuł: Regulation of ALG-1 by catalytic activity independent function of DPF-3.*
2. Spotkanie EMBO poświęcone piRNA i białkom Piwi, Francja, 2024 r.
Tytuł: Mechanistic Understanding of picd-1 in Transposon Silencing and Genome Maintenance.
3. Warsztaty EMBO: RNA spotyka się z rozkładem białek, Chorwacja, 2023 r.
Tytuł: Regulation of the regulators: DPF-3 regulates ALG-1 activity.
4. Konferencja Gordon Research Conference na temat „Naprawa DNA ssaków”, Los Angeles, USA, 2019 r.
5. Międzynarodowe spotkanie *C. elegans*, Los Angeles, USA, 2017 r.
6. Międzynarodowa konferencja „Długie i krótkie niekodujące RNA”, Kreta, Grecja, 2017 r.

7. Konferencja Gordon Research Conference pt. „Enzymy proteolityczne i ich inhibitory”, Lukka, Włochy, 2016 r.
 8. Międzynarodowe spotkanie poświęcone robakom, Los Angeles, USA, 2015 r.
Tytuł: Developmentally regulated rapid degradation of specific miRNAs.
 9. Przetwarzanie mRNA eukariotów, Cold Spring Harbor Laboratory, Nowy Jork, USA, 2008 r.
8. *Lista udziału w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.*

Brak

9. *Lista udziału w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w ramach konkursów krajowych lub międzynarodowych, z podziałem na projekty zakończone i trwające, wraz z informacją o pełnionej funkcji w ramach prac zespołów.*

Realizacja w toku:

1. MAB- FENG – kierownik zespołu – Tytuł projektu: TREAT-EXP: Opracowanie strategii terapeutycznych chorób genetycznych człowieka powodowanych ekspansją powtórzeń nukleotydowych”. Nr rejestracyjny: FENG.02.01-IP.05-M038/25.
2. NCN SONATA BIS – główny badacz – tytuł projektu: Rola proteaz z rodziny DPPIV w wyciszaniu transpozonów i utrzymaniu genomu. Nr rejestracyjny: 2021/42/E/NZ1/00336.
3. NCN OPUS – Główny badacz – Tytuł projektu: Mechanistyczne zrozumienie *picd-1* w wyciszaniu transpozonów i utrzymaniu genomu. Nr rejestracyjny: 2022/45/B/NZ2/02183.

Zrealizowane projekty:

1. W trakcie badań podoktoranckich brałem udział w projekcie finansowanym przez Szwajcarską Narodową Fundację Naukową poprzez Narodowe Centrum Kompetencji w zakresie Badań nad RNA i Chorobami (numer grantu 182880), przyznany prof. Helge Grosshansowi.

2. Brałem udział w projekcie grantowym Agence Nationale de la Recherche (ANR) „CUT” (ANR- ANR-05-BLAN-0062) przyznany Alainowi Jacquierowi.
3. Brałem udział w projekcie ANR-08-Blan-0038 przyznany Domenico Libri.

10. Lista członkostw w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych wraz z informacją o pełnionych funkcjach.

1. RNA Society – członek
2. Société Française de Biochimie et Biologie Moléculaire – członek

11. Lista staży w instytucjach naukowych lub artystycznych, w tym za granicą, z podaniem miejsca, daty, czasu trwania i charakteru stażu.

1. Byłem studentem wizytującym w laboratorium Olivera Muhlemanna na Uniwersytecie w Bernie w Szwajcarii przez okres 6 miesięcy (2004-2005), badając rolę rozkładu mRNA za pośrednictwem nonsensownego kodowania (NMD) w hodowli komórkowej.
2. Byłem studentem wizytującym w laboratorium Sabine Brantl na Uniwersytecie Friedricha Schillera w Jenie w Niemczech (2005-2006) i realizowałem projekt mający na celu zrozumienie funkcji małych niekodujących RNA w oporności na antybiotyki.
3. Odwiedziłem laboratorium Torbena Heicka Jensena na Uniwersytecie w Aarhus w Danii (lipiec 2008 r.), aby przeprowadzić eksperymenty dotyczące lokalizacji RNA w jądrze komórkowym drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

12. Lista członkostwa w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism wraz z informacją o pełnionych funkcjach (np. redaktor naczelny, przewodniczący rady naukowej itp.).

Brak

13. Wykaz recenzowanych prac naukowych lub artystycznych, w szczególności opublikowanych w czasopismach międzynarodowych.

Na zaproszenie redaktorów recenzowałem artykuły naukowe zgłoszone do następujących międzynarodowych czasopism: 1. Nucleic Acids Research; 2. Life

Science Alliance; 3. Molecular and Cellular Biochemistry. Ponadto wraz z dr Helge Grosshanssem współrecenzowałem manuskrypty zgłoszone do następujących czasopism: 1. Science; 2. Molecular Cell; 3. EMBO Journal.

14. Lista udziału w programach europejskich lub innych programach międzynarodowych.

Brak

15. Lista udziału w zespołach badawczych realizujących projekty inne niż te, o których mowa w pkt II.9.

1. NCN Miniatura – dodatkowy wykonawca – kierownikiem projektu jest dr Ilkin Aygün Soyalp. Nr rejestracyjny: 2024/08/X/NZ1/01122.

16. Lista udziału w panelach oceniających wnioski o finansowanie badań, wnioski o nagrody naukowe, wnioski w innych konkursach o charakterze naukowym lub dydaktycznym.

Brak

III. WSPÓŁPRACA ZE ŚRODOWISKIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

Brak

IV. DANE SCIENTOMETRYCZNE

1. Współczynnik wpływu (w dziedzinach i dyscyplinach, w których parametr ten jest powszechnie stosowany jako wskaźnik naukowy).

Całkowity współczynnik wpływu artykułu I: **40,7**

Łączny współczynnik wpływu według listy Journal Citation Reports: **143,5**

2. Liczba cytowań publikacji wnioskodawcy, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań.

Base	Citations	Citations without self citation
Google Scholar	1003	N/A
Web of Science	706	699
Scopus	724	724

Scopus yearly citations

Year	Publication Title	Journal Title	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	Total
			2	18	49	51	36	53	89	74	64	43	32	37	29	25	32	23	23	22	22	724
2025	Dipeptidyl peptidase DPF-3 is a gatekeeper of microRNA Argonaute compensation in animals	Nature Communications	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
2024	Deep quantification of substrate turnover defines protease subsite cooperativity	Molecular Systems Biology	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
2021	Protease-mediated processing of Argonaute proteins controls small RNA association	Molecular Cell	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	3	1	4	12
2012	Extensive Degradation of RNA Precursors by the Exosome in Wild-Type Cells	Molecular Cell	0	0	0	0	0	1	24	28	24	19	11	16	14	13	17	9	10	8	9	203
2012	In vivo SELEX reveals novel sequence and structural determinants of Nrd1-Nab3-Sen1-dependent transcription termination	EMBO Journal	0	0	0	0	0	0	10	8	9	4	6	7	2	5	0	4	4	2	3	64
2012	The yeast RPL9B gene is regulated by modulation between two modes of transcription termination	EMBO Journal	0	0	0	0	0	0	5	2	3	3	1	0	1	0	3	1	0	1	0	20
2009	CodY activates transcription of a small RNA in Bacillus subtilis	Journal of Bacteriology	0	0	4	6	0	6	2	5	4	4	2	1	0	0	2	0	0	0	0	36
2008	THO/Sub2p Functions to Coordinate 3'-End Processing with Gene-Nuclear Pore Association	Cell	0	1	18	20	10	17	13	11	11	4	3	4	3	0	4	2	2	3	2	128
2008	Phosphorylation of the RNA polymerase II C-terminal domain dictates transcription termination choice	Nature Structural and Molecular Biology	0	3	13	8	15	12	20	10	9	1	7	6	5	5	0	0	2	2	1	119
2008	mRNA journey to the cytoplasm: Attire required	Biology of the Cell	0	0	4	5	4	2	1	1	0	1	0	0	1	1	2	2	1	1	0	26
2007	Dissecting mechanisms of nuclear mRNA surveillance in THO/sub2 complex mutants	EMBO Journal	2	14	10	12	7	15	14	9	4	7	2	3	3	1	4	1	1	4	1	114

3. Indeks Hirscha.

Google Scholar = 9

Web of Science = 9

Scopus = 9

.....

(podpis wnioskodawcy)