



**DR HAB. ALEKSANDRA PĘKOWSKA,
PROF. IBD PAN
INSTYTUT BIOLOGII DOŚWIADCZALNEJ IM. M. NENCKIEGO PAN
W WARSZAWIE**

Dr hab. Aleksandra Pękowska, prof. IBD PAN – studiowała biologię na Uniwersytecie Łódzkim, gdzie w 2006 roku obroniła pracę magisterską pod kierunkiem dr Łukasza Pułaskiego jako student w Katedrze Biofizyki Molekularnej kierowanej przez profesora Grzegorza Bartosza. Pracę doktorską realizowała w laboratorium dr Pierre'a Ferrier (CIML, Marsylia). Jej efektem było opisanie specyficznej struktury chromatyny, która przyczynia się do kontroli aktywności genów (Pękowska A., i wsp., 2011, *EMBO J*, Pękowska A., i wsp., 2010 *Genome Res.*). W 2011 roku, dołączyłam jako *post-doc* do grupy badawczej dr Wolfganga Hubera (EMBL, Heidelberg). Nasze badania zaowocowały odkryciem, że utrata plastyczności komórek mająca miejsce w trakcie rozwoju embrionalnego ma związek z tworzeniem się unikatowej trójwymiarowej struktury genomu w jądrze komórkowym (Pekowska A., i wsp., 2018 *Cell Systems*). W ramach drugiego stażu *post-doc* w 2016 roku dołączyła do zespołu dr Rafaela Casellasa (Narodowe Instytuty Zdrowia, Bethesda, U.S.A.) gdzie została opisana unikalna struktura chromatyny związana z kontrolą ekspresji genów (Vian L., Pękowska A., i wsp. 2018 *Cell*). Od 2019 roku jest Kierownikiem Centrum Doskonałości Dioscuri – Pracowni Biologii Chromatyny i Epigenomiki w Instytucie Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN w Warszawie. Program Dioscuri to program zainicjowany przez Towarzystwo Maxa Plancka, prowadzony wspólnie z Narodowym Centrum Nauki i finansowany wspólnie przez MNiSW i BMBF Niemiec. W prowadzonej pracy są wykorzystywane narzędzia opierające się na technologiach wysokoprzepustowego sekwencjonowania DNA. Używane są również tak zwane nożyce molekularne (CRISPR-Cas9) oraz mode komórek macierzystych, aby lepiej zrozumieć genetyczne podstawy ewolucji i funkcji astrocytów, jednej ze słabiej zrozumianych grup komórek w mózgu. Ponadto, w zakresie zainteresowań badawczych uczestników programu jest wpływ trójwymiarowej struktury genomu na regulację aktywności genów.