

Kaja Milanowska

Lista publikacji

- październik 2012

I. Prace oryginalne (rozdziały w książkach zbiorowych, artykuły w czasopismach):

1. Philips A, **Milanowska K**, Lach G, Boniecki M, Rother K, Bujnicki JM ***MetalionRNA: computational predictor of metal-binding sites in RNA structures*** *Bioinformatics* 2012 Jan 15;28(2):198-205

IF: 5.468

Milanowska K opracowała i zaimplementowała serwer internetowy wraz z interfejsem graficznym użytkownika. Przeprowadziła testy działania serwera. Przygotowała także serwer do publikacji i udostępniła go w sieci Internet. Napisała też część publikacji dotyczącą architektury serwera.

2. Rother M, **Milanowska K**, Puton T, Jeleniewicz J, Rother K, Bujnicki JM ***ModeRNA server: an online tool for modeling RNA 3D structures*** *Bioinformatics* 2011 Sep 1;27(17):2441-2.

Rother M, Milanowska K – dzielone pierwsze autorstwo

IF: 5.468

Milanowska K zaprojektowała i zaimplementowała serwer internetowy wraz z interfejsem graficznym użytkownika. Opracowała całą metodologię wyszukiwania szablonów do modelowania, wyłapywania błędów i wyświetlania wyników. Przeprowadziła testy działania serwera. Przygotowała także serwer do publikacji i udostępniła go w sieci Internet. Napisała też część publikacji dotyczącą architektury serwera.

3. **Milanowska K**, Krwawicz J, Papaj G, Kosinski J, Poleszak K, Lesiak J, Osinska E, Rother K, Bujnicki JM ***REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways***. *Nucleic Acids Res* 2011 Jan;39 (Database issue):D788-92

IF: 8.026

Milanowska K opracowała i zaimplementowała całą architekturę bazy danych, a także przetestowała implementację. Przygotowała interfejs graficzny bazy. Zaprojektowała sposób wyświetlania szlaków naprawy DNA. Ponadto uzupełniała także dane w bazie i narysowała wszystkie szlaki naprawy DNA. Napisała również publikację.

4. Kaminska KH, **Milanowska K**, Bujnicki JM „*The basics of protein sequence analysis*”, [w:] „*Prediction of Protein Structures, Functions and Interactions*”, Bujnicki JM, Wiley & Sons, 2009,

Milanowska K zebrała i opracowała dane dotyczące przewidywania funkcji białek. Napisała także część rozdziału dotyczącą wyżej wymienionego zagadnienia.

5. Krol J, Sterga J, **Milanowska K**, Dorota Nowak, Ewa Kubiaczyk, Nowak D, Majorek K, Kaminska K and Krzyszosiak WJ „*Structural features of miRNAs and their precursors*”, [w:] „*microRNA: Biology, Function & Expression*”, Clarke NJ i Sanseau P, DNA Press, 2006,

Milanowska K zebrała dane dotyczą pierwotnych prekursorów mikroRNA z człowieka, myszy, muszki owocowej i C. elegans. Przeprowadziła analizę bioinformatyczną miejsc wiązania mikroprocesora Drosha i przygotowała bazę publikacji dotyczącą tej części opisywanego tematu.

6. **Milanowska K**, Majorek K, Krzyszosiak WJ „*Biogeneza, mechanizm działania i funkcje mikroRNA*”, [w:] „*Proteomika i Genomika w Biologii i Medycynie, XXIII Zimowa Szkoła Instytutu Farmakologii PAN*”, Przewłocka B., 2006,

Milanowska K napisała część dotyczącą biogenezy i mechanizmu działania mikroRNA. Była także odpowiedzialna za ostateczną wersję artykułu.

w druku:

1. **Milanowska K**, Mikolajczak K, Lukasik A, Skorupski M, Balcer Z, Machnicka MA, Nowacka M, Rother KM, Bujnicki JM *RNApathwaysDB – a database of RNA maturation and decay pathways. Nucleic Acids Res 2013*

IF: 8.026

Milanowska K opracowała i zaimplementowała całą architekturę bazy danych, a także przetestowała implementację. Przygotowała interfejs graficzny bazy. Zaprojektowała sposób wyświetlania szlaków dojrzewania i degradacji RNA. Ponadto zebrała, opracowała i uzupełniła dane w bazie i narysowała wszystkie dostępne w bazie szlaki. Napisała również publikację.

2. Machnicka MA, **Milanowska K**, Osman Oglu O, Purta E, Kurkowska M, Olchowik A, Januszewski W, Kalinowski S, Dunin-Horkawicz S, Rother KM, Helm M, Bujnicki JM, Grosjean H *MODOMICS: a database of RNA modification pathways: 2012 update Nucleic Acids Res 2013*

Machnicka MA, Milanowska K – dzielone pierwsze autorstwo

IF: 8.026

Milanowska K była odpowiedzialna za część techniczną projektu. Wprowadziła do bazy danych istotne usprawnienia techniczne, a także zaimplementowała nowe tabele i kolumny w tabelach. Opracowała metodologię wyszukiwania sekwencji nukleotydowych w bazie za pomocą programu Paralign, a także sposób przeszukiwania rekordów z użyciem słów kluczowych.

II. Prace przeglądowe, (raporty, suplementy, recenzje naukowe, opracowania źródłowe):

1. **Milanowska K, Rother K, Bujnicki JM *Databases and bioinformatics tools for the study of DNA repair.* Mol Biol Int 2011, 475718. [Epub 2011 Jul 14] doi:10.4061/2011/475718**

Milanowska K zebrała i opracowała dane niezbędne do napisania pracy przeglądowej oraz napisała całą publikację.

III. Prace pokonferencyjne i doniesienia zjazdowe:

1. Philips A, **Milanowska K**, Lach G, Boniecki M, Rother K, Bujnicki J ***New Computational Methods for Predicting RNA-Metal Ion and RNA-Ligand Interactions***, konferencja Bioinformatics in Torun (BIT12), 27-29.09.2012, Toruń, poster, Book of Abstracts, 53 s.
2. **Milanowska K**, Balcer Z, Łukasik A, Mikolajczak K, Skorupski M, Rother K, Bujnicki J, ***RNApathwaysDB – a database of RNA maturation and decay***, konferencja Bioinformatics in Torun (BIT12), 27-29.09.2012, Toruń, poster, Book of Abstracts.
3. **Milanowska K**, Balcer Z, Łukasik A, Mikolajczak K, Skorupski M, Rother K, Bujnicki J, ***RNB – a database of RNA metabolic pathways***, konferencja 17th Annual RNA Society Meeting, 29.05 – 2.06.2012, Ann Arbor, poster, Book of Abstracts, 142 s.
4. Philips A, **Milanowska K**, Lach G, Boniecki M, Rother K, Bujnicki J, ***Genesilico Web Servers for Predicting of RNA -Metal Ion and -Ligand Interactions***, konferencja 17th Annual RNA Society Meeting, 29.05 – 2.06.2012, Ann Arbor, poster, Book of Abstracts, 142 s.
5. **Milanowska K**, Balcer Z, Łukasik A, Mikolajczak K, Skorupski M, Rother K, Bujnicki J, ***RNB – a database of RNA metabolic pathways***, konferencja Multi-Pole Approach to Structural Biology, 16-19.11.2011, Warszawa, poster, Book of Abstracts, 217 s.
6. Philips A, **Milanowska K**, Rother K, Bujnicki J ***MetallonRNA: A web server for predicting metal-binding sites in RNA structures***, konferencja Multi-Pole Approach to Structural Biology, 16-19.11.2011, Warszawa, poster, Book of Abstracts, 229 s.
7. **Milanowska K**, Krwawicz J, Papaj P, Kosiński J, Poleszak K, Lesiak J, Osińska E, Kristian Rother K, Bujnicki J ***REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways***, konferencja ISMB/ECCB, 17-19.07.2011, Wiedeń, Book of Abstracts, poster Z36.

8. **Milanowska K**, Krwawicz J, Papaj P, Kosiński J, Poleszak K, Lesiak J, Osińska E, Kristian Rother K, Bujnicki J ***REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways***, EMBO Young Scientists Forum, 30.06-1.07.2011, Warszawa, poster, Book of Abstracts, 90 s.
9. **Milanowska K**, Kasprzak J, Rother M, Puton T, Rother K, Bujnicki J ***ModeRNA: a program for comparative RNA modeling and ModeRNA server for RNA structure modeling and analysis***, Stanford-Sweden multiresolution molecular modeling workshop, 20-22.06.2011, Uppsala, wykład
10. Philips A, **Milanowska K**, Rother K, Bujnicki J ***MetallonRNA: A web server for predicting metal-binding sites in RNA structures***, 17th Annual RNA Society Meeting, 14 – 18.06.2011, Kyoto, Japonia, Book of Abstracts, poster 802.
11. **Milanowska K**, Krwawicz J, Papaj P, Kosiński J, Poleszak K, Lesiak J, Osińska E, Kristian Rother K, Bujnicki J ***REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways***, konferencja Bioinformatics in Torun (BIT11), 2-4.06.2011, Toruń, poster, Book of Abstracts, 60 s.
12. Philips A, **Milanowska K**, Rother K, Bujnicki J ***MetallonRNA: A web server for predicting metal-binding sites in RNA structures***, konferencja Bioinformatics in Torun (BIT11), 2-4.06.2011, poster, Toruń, Book of Abstracts, 65 s.
13. Bacler Z, **Milanowska K**, Bujnicki J ***DrawBioPath – a web application in javascript for creating graphical representation of metabolic pathways***. konferencja Bioinformatics in Torun (BIT11), 2-4.06.2011, Toruń, poster, Book of Abstracts, 28 s.
14. Jeleniewicz J, Zaremba P, Rother M, **Milanowska K**, Puton T, Stasiewicz J, Boniecki M, Bujnicki J, Rother K ***How to find templates and build models of M. Capricolum tRNA*** konferencja Bioinformatics in Torun (BIT11), 2-4.06.2011, poster, Toruń, Book of Abstracts, 46 s.
15. **Milanowska K**, Krwawicz J, Papaj G, Kosinski J, Poleszak K, Lesiak J, Osinska E, Rother K, Bujnicki JM ***REPAIRtoire – a database of DNA repair pathways.***, [w:] ***Nettab-BBCC 2010 Biological Wikis***, Facchiano A., Romano P., 29.11 – 1.12.2010, Neapol, praca pokonferencyjna.
16. **Milanowska K**, Balcer Z, Łukasik A, Mikolajczak K, Skorupski M, Rother K, Bujnicki J, ***RNB – a database of RNA metabolic pathways***, III Zjazd Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, 1-3.10.2010, Ustroń, poster
17. **Milanowska K**, Rother K, Bujnicki J, ***RNB – a database of RNA metabolic pathways*** konferencja EURASNET Interdisciplinary Focus Meeting – "Frontiers in Structural Biology of RNAs and RNPs" 16-21.08.2010, Poznań, poster, Boof of Abstracts, 4 s.
18. **Milanowska K**, Bujnicki J ***Sequence and structure analysis of Ribonuclease III family***, I Zjazd Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, 03-05.10.2008, Jadwisin, wykład
19. **Milanowska K**, Rother K, Bujnicki J, ***RNaseBase (RNB) – a database of RNases and RNA metabolic pathways*** EMBO RNA Workshop, 15-16.04.2010, Warszawa, wykład

20. **Milanowska K**, Balcer Z, Łukasik A, Mikołajczak K, Skorupski M, Rother K, Bujnicki J, ***RNaseBase (RNB) – a database of RNases and RNA metabolic pathways*** RNase Workshop, 20-22.11.2008, Kazimierz Dolny, wykład