

PROFIL NA STRONĘ INTERNETOWĄ INSTYTUTU

Załączyć aktualne zdjęcie w pliku graficznym np. 2024, 2023r.	
Imię i nazwisko, stopień/tytuł	Hiroaki Taniguchi, PhD, DSc
Stanowisko	prof. IGBZ PAN /Kierownik Zespołu Edycji Genomu i Regulacji Transkrypcji
Wskaźnik Hirscha oraz Liczba cytowań (wg Scopus) na dzień wypełniania formularza	H-index 21 2368
Zainteresowania badawcze w podpunktach (min. 200 znaków, max. 500 znaków)	– Wykorzystanie Crispr-Cas9 do edycji genomu w celu funkcjonalnej walidacji mutacji hot spot w genach wywołujących nowotwory – Badanie potencjalnego związku pomiędzy NFE2L1 a wystąpieniem choroby Parkinsona.
Łączna liczba realizowanych grantów w karierze, obecnie realizowane projekty badawcze (tytuł i numer) i wybrane maks. 3 zakończone projekty (tytuł i numer) od najnowszych tj. 2024, 2023, 2022...	– Obecnie – NCN2020/39/O/NZ5/02467 Analysis of the molecular mechanism of phosphorylated α-synuclein and ubiquitinated protein accumulation caused by dopaminergic neuron-specific NFE2L1 gene knockout (Do 30 września 2026). – Skończone – Grant agreement No 815668. BovReg - Identification of functionally active genomic regions relevant to phenotypic diversity and plasticity in cattle (Work package 6 leader) – NCN 2017/25/B/NZ5/02762 - Study of transcriptional networks disruption on the development of liver cancer: functional analysis of the HNF4A gene mutation using CRISPR/Cas9 system – NCN 2017/01/X/NZ9/01263 Potencjalna rola systemu ubikwityno-proteasomowego w ciałku żółtym bydła
Podać łączną liczbę publikacji w karierze, ORCID (numer i hiperlink do profilu), SCOPUS (numer i hiperlink do profilu) oraz wskazać wybrane publikacje (maks. 5)	– 58 publikacji (Scopus) – ORCID: 0000-0001-7270-390X, https://orcid.org/0000-0001-7270-390X – SCOPUS 35785003500, https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=35785003500 – Wybrane publikacje (5) – 1. Łuczyńska K, Zhang Z, Pietras T, Zhang Y, Taniguchi H. NFE2L1/Nrf1 serves as a potential therapeutic target for neurodegenerative diseases. Redox Biol. 2023 69:103003. – 2. Śmiech M, Leszczyński P, Wardell C, Poznański P, Pierzchała M, Taniguchi H. Oncogenic Mutation

	BRAF V600E Changes Phenotypic Behavior of THLE-2 Liver Cells through Alteration of Gene Expression. Int J Mol Sci. 2022 23(3) 1548: – 3. Taniguchi H, Fujimoto A, Kono H, Furuta M, Fujita M, Nakagawa H. Loss-of-function mutations in Zn-finger DNA-binding domain of HNF4A cause aberrant transcriptional regulation in liver cancer. Oncotarget. 2018 9(40):26144-26156. – 4. Fujimoto A*, Furuta M*, Totoki Y*, Tsunoda T*, Kato M*, Shiraishi Y, Tanaka H, Taniguchi H et al. Whole-genome mutational landscape and characterization of noncoding and structural mutations in liver cancer. Nat.Genet. 2016; 48: 500-509.* contributed equally – 5. Endo K, Taniguchi H*, Karim MR*, Krejci A, Kinameri E, Siebert M, Ito K, Bray SJ, Moore AW. Chromatin modification of Notch targets in olfactory receptor neuron diversification. Nat.Neurosci. 2012; 15: 224-233. *contributed equally
Podać łączną liczbę patentów na dzień wypełniania formularza i podać wybrane patenty (max 2) oraz hiperlink do personalnych osiągnięć patentowych (UP RP) na dzień wypełniania formularza	1. METHOD AND DEVICE FOR ARRANGING CELLS USING LASER – https://patentscope.wipo.int/search/en/detail.jsf?docId=WO2016039397&_cid=P21-LT5ZS1-21385-1 – 2.A method to prevent epithelial to mesenchymal transition and cancer metastasis – https://jglobal.jst.go.jp/detail?JGLOBAL_ID=201603006129951965 –
Najważniejsze osiągnięcia naukowe w punktach od najnowszych tj. 2023, 2022, 2021.... (min. 800 znaków, max 1000 znaków)	– Wykazaliśmy, że mutacje w genach HNF1A (Genes 2022, Cancers 2021) i NRF2 (IJMS 2021) przyczyniają się do progresji raka wątrobowokomórkowego (HCC), co podkreśla i potencjalne znaczenie jako potencjalne cele terapeutyczne i diagnostyczne. Ponadto mutacje BRAF, zwłaszcza V600E, aktywują szlaki onkogenne w komórkach wątroby, co podkreśla złożoność rozwoju raka wątroby (2022 IJMS). – W chorobach neurodegeneracyjnych NFE2L1 reguluje obrót białek poprzez układ ubikwityna-proteasom. Aktywacja NFE2L1, jako potencjalne podejście terapeutyczne w leczeniu chorób Alzheimera i Parkinsona, jest badana w mniejszym stopniu w porównaniu z jej homologiem NFE2L2. Zaproponowaliśmy, że zrozumienie tych czynników transkrypcyjnych zapewnia wgląd w rozwój układu nerwowego, choroby neurodegeneracyjne i potencjalne strategie terapeutyczne (BBRC 2017, Redox Biology 2023). – Wykazaliśmy, że czynnik transkrypcyjny PRDM3 odgrywa znaczącą rolę w neurogenezie. Jego ekspresja wzrasta podczas neurogenezy, a jego nokaut przyspiesza różnicowanie neuronów, jednocześnie promując wzrost komórek nieneuronalnych. GATA6, kolejny czynnik transkrypcyjny, synergistycznie reguluje ekspresję PRDM3, przy czym receptory kwasu retinowego dodatkowo wzmacniają ten efekt (2020 IJMS).
Liczba i spis obronionych doktorantów od najnowszych tj. 2024, 2023, 2022...	– Effi Haque (Supervisor) 2022 – Pawel Leszczyński (Supporting Supervisor) 2021

	– Magdalena Śmiech (Supporting Supervisor) 2021
Podać w podpunktach działalność organizacyjną, upowszechnianie wiedzy i innych (<i>min. 300 znaków, maks. 1000 znaków</i>)	– Strona laboratorium: https://hiroataniguchi.wixsite.com/polska-epigenetics