



UMCS

WYDZIAŁ BIOLOGII I BIOTECHNOLOGII

INSTYTUT NAUK BIOLOGICZNYCH

Laboratorium Analiz Strukturalnych i Obrazowania Metodami Spektrometrii Mas

Katedra Genetyki i Mikrobiologii

Koordynator:

prof. dr hab. Adam Choma

pokój 202A, tel. 81 537 5972, e-mail: adam.choma@poczta.umcs.lublin.pl

Wyposażenie

- Wysokorozdzielczy spektrometr **SYNAPT G2-Si HDMS** firmy **Waters** z jonizacją próbek w trybie **ESI**, **MALDI** i **APCI**
- System wysokosprawnej chromatografii ciekowej **ACQUITY UPLC**, wraz z detektorami **TUV** i **RI**, firmy **Waters**

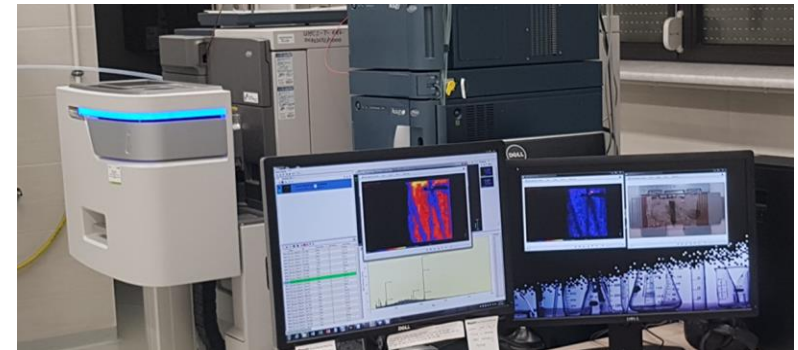


Lokalizacja aparatu:

pok. 0106Aa

Wypożyczenie

- Oprogramowanie umożliwiające obrazowanie metodą **MALDI Mass Spectrometry Imaging (MALDI MSI)**
- **Kriostat z wbudowanym mikrotomem (Leica CM1950)** służący do przygotowywania ultracienkich skrawków z zamrożonych preparatów (tkanki roślinne i zwierzęce) do analiz techniką MALDI MSI



Wyposażenie

- **Spektrometr mas SYNAPT G2-Si HDMS** to instrument hybrydowy zawierający analizatory: kwadropolowy i czasu przelotu (TOF).
- **Jest to narzędzie badawcze, służące do pomiaru bardzo dokładnych mas cząsteczkowych**, co pozwala na jednoznaczne określenie wzoru sumarycznego badanych związków.
- **Instrument jest wyposażony w różne źródła jonizacji próbek:**
 - elektro-rozpraszanie (**ESI**, z opcją **nano-ESI**),
 - jonizacja chemiczna pod ciśnieniem atmosferycznym (**API**, **APCI**),
 - jonizacja laserem w obecności matrycy (**MALDI**).

Laboratorium Analiz Strukturalnych

- **Spektrometr mas SYNAPT G2-Si HDMS** jest dostosowany do współpracy z chromatografem ciekowym (system **ACQUITY UPLC**, wraz z detektorami **TUV** i **RI** z możliwością wytworzenia gradientu solwentów oraz z automatycznym dozowaniem i podajnikiem próbek).
- Urządzenie umożliwia fragmentację wybranych jonów (tryb pracy **MS-MS**).
- Instrument jest wyposażony w opcję analizy mobilności jonów o takiej samej wartości m/z (**ion mobility** spectrometry).
- Dodatkowe oprogramowanie umożliwia użycie techniki MALDI do obrazowania tkanek roślinnych i zwierzęcych (**MALDI Mass Spectrometry Imaging**).

Laboratorium Analiz Strukturalnych

Spektrometr mas SYNAPT G2-Si HDMS ma szerokie zastosowanie do analiz zarówno związków niskocząsteczkowych jak i makromolekuł (białka, lipidy, polisacharydy).

Przy użyciu tego instrumentu możliwe są analizy:

- **lipidomiczne** - analiza lipidów izobarycznych, glikolipidów, fosfolipidów, sfingolipidów; analizy strukturalne tych związków przez fragmentację (MS-MS),
- **glikomiczne** - analiza **polisacharydów, oligosacharydów i lipopolisacharydów**, w tym określanie wielkości powtarzających się podjednostek w lipopolisacharydach, analiza fragmentacyjna lipidów A oraz badanie dystrybucji kwasów tłuszczowych w lipidzie A, analizy strukturalne poli- i oligosacharydów,
- **proteomiczne** - identyfikacja białek metodą *fingerprinting*, sekwencjonowanie peptydów i białek (Top-Down, Bottom-Up),
- **wyznaczanie mas cząsteczkowych** z dokładnością pozwalającą na jednoznaczne określenie wzoru sumarycznego możliwie największych molekuł,

Laboratorium Analiz Strukturalnych

- **obrazowanie metodą MALDI Mass Spectrometry Imaging** - dystrybucja składników w badanej próbce na poziomie tkanek,
- **analiza posttranslacyjnej modyfikacji białek**: określenie struktury komponenty glikanowej, wyznaczenie miejsca glikozylacji oraz fosforylacji białek,
- **badanie oddziaływań niekowalencyjnych białek**, tzw. *non-denaturing mass spectrometry*, w tym: analiza mas kompleksów białkowych w formie białko-białko, białko(enzym)-substrat, białko-środowisko (woda sole cukry betainy), białko-ligand. Badanie dysocjacji (denaturacja MS) kompleksów białkowych z wykorzystaniem zmiennych warunków jonizacji wraz z możliwością określania trwałości kompleksów; zakres analizowanych mas obejmuje masy od kilku do kilkuset kDa; system pozwala również na rozdzielenie kompleksów białkowych w warunkach natywnych,
- **metabolomika** oparta na analizach spektrometrycznych: profilowanie porównawcze metabolitów, *fingerprinting* mikroorganizmów i roślin, identyfikacja w oparciu o HR-MS, analiza porównawcza profili białkowych organizmów.

Laboratorium Analiz Strukturalnych

Osoby wykonujące analizy na spektrometrze SYNAPT (wykonywane analizy):

- **dr hab. Iwona Komaniecka** (ESI-MS, MALDI-MS, MS-MS; lipidy błonowe, lipopolisacharydy, lipid A, oligosacharydy bakteryjne i grzybowe, inne związki nisko- cząsteczkowe), Katedra Genetyki i Mikrobiologii, e-mail: ikoma@hektor.umcs.lublin.pl
- **dr Przemysław Grela** (ESI-MS, nanoESI-MS, analiza białek w warunkach natywnych i denaturujących), Katedra Biologii Molekularnej, e-mail: przemek@hektor.umcs.lublin.pl
- **dr hab. Anna Sroka-Bartnicka, prof. UMCS** (MALDI-MSI, MALDI-MS, MS-MS; obrazowanie tkanek roślinnych i zwierzęcych przy użyciu techniki MSI), Katedra Genetyki i Mikrobiologii, e-mail: asrokaba@poczta.umcs.lublin.pl
- **mgr Katarzyna Suśniak** (MALDI-MSI, MALDI-MS, MS-MS, przygotowanie i obrazowanie tkanek roślinnych przy użyciu techniki MALDI MSI), Katedra Genetyki i Mikrobiologii, pok. 217A.

Wypożyczenie

Chromatograf gazowy sprzężony ze spektrometrem mas (GC-MS) firmy Agilent Technologies, z jonizacją elektronową (**EI**) oraz chemiczną (**CI**) przy użyciu metanu.

- aparat służy do analizy związków przekształconych w lotne pochodne
- **wykonywane analizy:** analiza jakościowa i ilościowa kwasów tłuszczowych, cukrów oraz ich pochodnych
- oprogramowanie do analizy danych (**Data Analysis**) jest wyposażone w wewnętrzną bazę NIST.08 oraz w bibliotekę własną, utworzoną przez pracowników KGiM



Lokalizacja aparatu:

Katedra Genetyki i Mikrobiologii

Opiekun infrastruktury:

prof. dr hab. Adam Choma

Wypożyczenie

Chromatograf ciekłowy (HPLC) firmy Shimadzu (Kyoto, Japan). Aparat jest wyposażony w kolumny:

- Rezex RCM Monosaccharide Pb^{2+} ,
- Rezex RSO Oligosaccharide Ag^+ ,
- Rezex PolySep™-SEC GFC-P 5000 (Phenomenex, Torrence, USA),
- **wykonywane analizy:** analiza jakościowa i ilościowa mono-, oligo- oraz polisacharydów.



Lokalizacja aparatu:

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej

Opiekun infrastruktury:

dr hab. Adrian Wiater, prof. UMCS

Wypożyczenie

- Chromatograf gazowy CP-3380 z detektorem płomieniowo-jonizacyjnym (Varian)
- Chromatograf gazowy GC-17A sprzężony ze spektrometrem mas MS-QP500 (Shimadzu)
- wykonywane analizy: analiza jakościowa i ilościowa niskocząsteczkowych związków polarnych i niepolarnych.



Lokalizacja aparatu:

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowe

Opiekun infrastruktury:

dr hab. Mariusz Trytek, prof. UMCS

Najnowsze publikacje:

- Jaroszuk-Ścisiel J., Nowak A., Komaniecka I., Choma A., Jarosz-Wilkolazka A., Osińska-Jaroszuk M., Tyśkiewicz R., Wiater A., Rogalski J. (2020) Differences in production, composition, and antioxidant activities of exopolymeric substances (EPS) obtained from cultures of endophytic *Fusarium culmorum* strains with different effects on cereals. *Molecules*, 25: 616, doi:10.3390/molecules25030616
- Wiater A., Paduch R., Trojnar S., Choma A., Pleszczyńska M., Adamczyk P., Pięt M., Próchniak K., Szczodrak J., Strawa J., Tomczy, M. (2020) The effect of water-soluble polysaccharide from Jackfruit (*Artocarpus heterophyllus* Lam.) on human colon carcinoma cells cultured *in vitro*. *Plants*, 9: 103, doi:10.3390/plants9010103
- Kutyla M., Fiedurek J., Gromada A., Jędrzejewski K., Trytek M. (2020) Mutagenesis and adaptation of the psychrotrophic fungus *Chrysosporium pannorum* A-1 as a method for improving β -pinene bioconversion. *Molecules*, 25: 2589. <https://doi.org/10.3390/molecules25112589>
- Poniedziałek B., Siwulski M., Wiater A., Komaniecka I., Komosa A., Gąsecka M., Magdziak Z., Mleczeek M., Niedzielski P., Proch J., Ropacka-Lesiak M., Lesiak M., Henao E., Rzymiski P, (2019) The effect of mushroom extracts on human platelet and blood coagulation: *In vitro* screening of eight edible species. *Nutrients*, 11: 3040, doi:10.3390/nu11123040
- Nowak K., Wiater A., Choma A., Wiącek D., Bieganski A., Siwulski M., Waśko A. (2019) Fungal (1 $\rightarrow$ 3)- α -D-glucans as a new kind of biosorbent for heavy metals. *International Journal of Biological Macromolecules*, 137: 960-965. doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.07.036
- Czerwinka A., Wiater A., Komaniecka I., Adamczyk P., Rzeski W., Pleszczyńska M. (2019) Antitumor effect of glucooligosaccharides obtained via hydrolysis of α -(1 $\rightarrow$ 3)-glucan from *Fomitopsis betulina*. *Molecular Biology Reports*. 46 (6): 5977–5982. DOI 10.1007/s11033-019-05032-x

Najnowsze publikacje:

- Dworaczek K., Drzewiecka D., Pekala-Safinska A., Turska-Szewczuk A. **(2019)** Structural and serological studies of the O6-related antigen of *Aeromonas veronii* bv. *sobria* strain K557 isolated from *Cyprinus carpio* on a Polish fish farm, which contains L-perosamine (4-amino-4,6-dideoxy-L-mannose), a unique sugar characteristic for *Aeromonas* serogroup O6. Mar. Drugs. 17: 399; doi:10.3390/md17070399
- Dworaczek K., Kurzylewska M., Karaś M.A., Janczarek M., Pekala-Safińska A., Turska-Szewczuk A. **(2019)** A unique sugar L-perosamine (4-amino-4,6-dideoxy-L-mannose) is a compound building two O-chain polysaccharides in the lipopolysaccharide of *Aeromonas hydrophila* strain JCM 3968, serogroup O6. Mar. Drugs. 17: 254; doi:10.3390/md17050254
- Palusinska-Szys M., Luchowski R., Gruszecki W.I., Choma A., Szuster-Ciesielska A., Lück C., Petzold M., Sroka-Bartnicka A., Kowalczyk B. **(2019)** The role of *Legionella pneumophila* serogroup 1 lipopolysaccharide in host-pathogen interaction. Front. Microbiol. 10: 2890. doi: 10.3389/fmicb.2019.02890
- Komaniecka I., Choma A., Zamłyńska K., Sroka-Bartnicka A., Sowinski P. **(2017)** Structure of O-specific polysaccharide of *Oligotropha carboxidovorans* OM5 – a wastewater bacterium. Carbohydr. Res. 439: 30-34. <http://dx.doi.org/10.1016/j.carres.2017.01.001>
- Zamłyńska K., Komaniecka I., Żebracki K., Mazur A., Sroka-Bartnicka A., Choma A. **(2017)** Studies on lipid A isolated from *Phyllobacterium trifolii* PETP02^T lipopolysaccharide. Ant. van Leeuwen. 110: 1413-1433; DOI 10.1007/s10482-017-0872-0
- Trytek M., Jędrzejewski K., Fiedurek J. **(2015)** Bioconversion of α -pinene by a novel cold-adaptor fungus *Chrysosporium pannorum*. Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology, 42: 181-188. doi: 10.1007/s10295-014-1550-0