



**UMCS**  
WYDZIAŁ BIOLOGII I BIOTECHNOLOGII

**INSTYTUT NAUK BIOLOGICZNYCH**

# Laboratorium Bioinżynierii Białka

**Katedra Biologii Molekularnej**

Opiekun infrastruktury:

**dr Przemysław Grela**

tel. 81 537 5926, e-mail: [przemek@hektor.umcs.lublin.pl](mailto:przemek@hektor.umcs.lublin.pl)

# Wyposażenie

**Zestawy FPLC do chromatograficznego oczyszczania oraz rozdzielania peptydów, białek i kompleksów białkowych:**

- Chromatograf cieczowy do zastosowań laboratoryjnych: AKTA PURIFIER GE Healthcare Life Sciences
- Chromatograf cieczowy do zastosowań laboratoryjnych: AKTA Pure GE Healthcare Life Sciences
- System elektroforezy dwukierunkowej Ettan IPGphor 3 IEF GE Healthcare Life Sciences

## AKTA PURIFIER FLPC System

**Chromatograf ciekowy do zastosowań laboratoryjnych o przepływach do 50 ml/min:**

- system chromatografii ciekowej, który działa z większością kompaktowych kolumn filtracji żelowej, HIC, chromatografii powinowactwa, wymiany buforów i wymiany jonowej itp.



**Lokalizacja aparatu:**

Katedra Biologii Molekularnej  
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

## AKTA PURE GE Healthcare Life Sciences

### Chromatograf cieczowy AKTA PURE:

- system chromatograficzny, który może być stosowany do oczyszczania peptydów, białek i kwasów nukleinowych w skali mikrogramów,
- posiada możliwość podłączenia wielu rodzajów kolumn chromatograficznych. Wyposażony jest w system czterech niezależnie pracujących pomp.



**Lokalizacja aparatu:**

Katedra Biologii Molekularnej  
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

# System elektroforezy 2D Ettan IPGphor 3 IEF GE

## System Ettan IPGphor 3 IEF GE:

- w pełni zintegrowany izoelektryczny system ogniskowania, zoptymalizowany pod kątem zapewniania szybkości i niezawodności rozdziału białek na zasadzie różnic w ich pI.



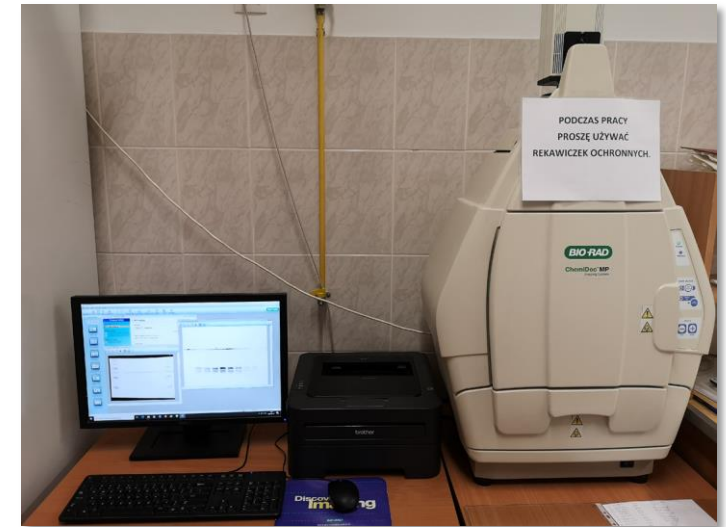
### Lokalizacja aparatu:

Katedra Biologii Molekularnej  
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

## Systemy dokumentacji

### System dokumentacji BioRAD ChemiDoc MP:

- jest w pełni funkcjonalnym narzędziem do obrazowania i analizy żeli i western blot,
- został zaprojektowany z myślą o zastosowaniu multiplexowego fluorescencyjnego western blot, detekcji chemiluminescencji, ogólnych zastosowań w dokumentacji żelu oraz potrzeb w zakresie obrazowania.



**Lokalizacja aparatu:**

Katedra Immunobiologii

**Opiekun infrastruktury:**

prof. dr hab. Małgorzata Cytryńska

## Systemy dokumentacji

### System dokumentacji BioRAD ChemiDoc XRS+:

- jest oparty na technologii CCD o wysokiej rozdzielczości i wysokiej czułości oraz opcjach modułowych, aby pomieścić szeroką gamę próbek i obsługiwać wiele metod detekcji: w tym fluorescencję, kolorymetrię, densytometrię, chemiluminescencję i chemi-fluorescencję,
- system jest kontrolowany przez oprogramowanie Image Lab.



**Lokalizacja aparatu:**

Katedra Immunobiologii

**Opiekun infrastruktury:**

dr hab. Roman Paduch, prof. UMCS

## Wybrane publikacje:

- Grela, P., M. Szajwaj, P. Horbowicz-Drozdal and M. Tchorzewski (2019). How Ricin Damages the Ribosome. *Toxins (Basel)* 11(5).
- Borkiewicz, L., M. Molon, E. Molestak, P. Grela, P. Horbowicz-Drozdal, L. Wawiorka and M. Tchorzewski (2019). Functional Analysis of the Ribosomal uL6 Protein of *Saccharomyces cerevisiae*. *Cells* 8(7).
- Grela, P., X. P. Li, P. Horbowicz, M. Dzwierzynska, M. Tchorzewski and N. E. Tumer (2017). Human ribosomal P1-P2 heterodimer represents an optimal docking site for ricin A chain with a prominent role for P1 C-terminus. *Sci Rep* 7(1): 5608.
- Wawiorka, L., E. Molestak, M. Szajwaj, B. Michalec-Wawiorka, M. Molon, L. Borkiewicz, P. Grela, A. Boguszevska and M. Tchorzewski (2017). Multiplication of Ribosomal P-Stalk Proteins Contributes to the Fidelity of Translation. *Mol Cell Biol* 37(17): e00060-00017.
- Grela, P., X. P. Li, M. Tchorzewski and N. E. Tumer (2014). Functional divergence between the two P1-P2 stalk dimers on the ribosome in their interaction with ricin A chain. *Biochem J* 460(1): 59-67.
- Bernado, P., K. Modig, P. Grela, D. I. Svergun, M. Tchorzewski, M. Pons and M. Akke (2010). Structure and Dynamics of Ribosomal Protein L12: An Ensemble Model Based on SAXS and NMR Relaxation. *Biophys J* 98(10): 2374-2382.



## Wybrane publikacje:

- Li, X. P., P. Grela, D. Krokowski, M. Tchorzewski and N. E. Tumer (2010). Pentameric organization of the ribosomal stalk accelerates recruitment of ricin a chain to the ribosome for depurination. *J Biol Chem* 285(53): 41463-41471.
- Grela, P., P. Bernado, D. Svergun, J. Kwiatowski, D. Abramczyk, N. Grankowski and M. Tchorzewski (2008). Structural relationships among the ribosomal stalk proteins from the three domains of life. *J Mol Evol* 67(2): 154-167.
- Grela, P., M. J. Gajda, J. P. Armache, R. Beckmann, D. Krokowski, D. I. Svergun, N. Grankowski and M. Tchorzewski (2012). Solution structure of the natively assembled yeast ribosomal stalk determined by small-angle X-ray scattering. *Biochem J* 444(2): 205-209.
- Grela, P., M. Helgstrand, D. Krokowski, A. Boguszevska, D. Svergun, A. Liljas, P. Bernado, N. Grankowski, M. Akke and M. Tchorzewski (2007). Structural characterization of the ribosomal P1A-P2B protein dimer by small-angle X-ray scattering and NMR spectroscopy. *Biochemistry* 46(7): 1988-1998.
- Grela, P., D. Krokowski, Y. Gordiyenko, D. Krowarsch, C. V. Robinson, J. Otlewski, N. Grankowski and M. Tchorzewski (2010). Biophysical properties of the eukaryotic ribosomal stalk. *Biochemistry* 49(5): 924-933.