



UMCS

WYDZIAŁ BIOLOGII I BIOTECHNOLOGII

INSTYTUT NAUK BIOLOGICZNYCH

Laboratorium Analiz Strukturalnych

Instytut Nauk Biologicznych

UMCS w Lublinie

Katedra Genetyki i Mikrobiologii

Osoba odpowiedzialna: Kierownik Katedry prof. dr hab. Adam Choma

ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

pokój 202A, tel. 81 537 5972

e-mail: adam.choma@mail.umcs.pl

Laboratorium Analiz Strukturalnych – opiekunowie aparatury

- Koordynator: Prof. dr hab. Adam Choma, KGiM, pok. 202A, tel.: 81 537 5972, e-mail: adam.choma@mail.umcs.pl
Opiekunowie aparatury:
- dr hab. Iwona Komaniecka, prof. UMCS, KGiM, pok. 219A, tel.: 81 537 5981, e-mail: iwona.komaniecka@mail.umcs.pl - spektrometr SYNAPT-G2-Si HDMS (Waters) oraz chromatograf gazowy sprzężony ze spektrometrem mas GC-MS (Agilent Technologies)
- dr hab. Adrian Wiater, prof. UMCS, KMPIŚ, pok. 102A, tel.: 81 537 5958, e-mail: adrian.wiater@mail.umcs.pl - chromatograf ciekłowy HPLC (Shimadzu)
- dr hab. Mariusz Trytek, prof. UMCS, KMPIŚ, pok. 101A, tel.: 81 537 5933 , e-mail: mariusz.trytek@mail.umcs.pl - chromatograf gazowy CP-3380 z detektorem płomieniowo-jonizacyjnym (Varian) oraz chromatograf gazowy GC-17A sprzężony ze spektrometrem mas MS-QP500 (Shimadzu)

Laboratorium Analiz Strukturalnych - wyposażenie

- Wysokorozdzielczy spektrometr mas **SYNAPT G2-Si HDMS** firmy **Waters**, z jonizacją próbek w trybie **ESI, MALDI i APCI (1)**.
- System wysokosprawnej chromatografii cieczowej **ACQUITY UPLC**, wraz z detektorami **TUV i RI**, firmy **Waters (2)**.

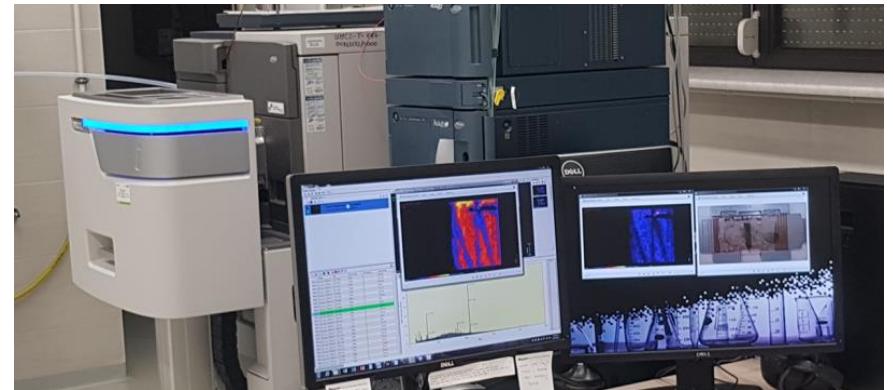


Lokalizacja aparatu: pok. 0106Aa

www.umcs.lublin.pl

Laboratorium Analiz Strukturalnych - wyposażenie

- Oprogramowanie umożliwiające obrazowanie tkanek techniką 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.



Laboratorium Analiz Strukturalnych - wyposażenie

- ❑ **Spektrometr mas SYNAPT G2-S/ HDMS** to instrument hybrydowy zawierający analizatory: kwadrupolowy 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 do makromolekuł (białka), w tym do analiz proteomicznych. Przy użyciu tego instrumentu możliwe są analizy:

1. **Lipidomiczne**, w tym: analiza lipidów izobarycznych, glikolipidów, fosfolipidów, sfingolipidów. Analizy strukturalne tych związków przez fragmentację (MS-MS).
2. **Glikomiczne** - analiza związków typu: **polisacharydy, oligosacharydy i lipopolisacharydy**, w tym: określanie wielkości powtarzających się podjednostek w lipopolisacharydach, analiza fragmentacyjna lipidu A oraz badanie dystrybucji kwasów tłuszczowych w lipidzie A, analizy strukturalne poli- i oligosacharydów.
3. **Proteomiczne**: identyfikacja białek metodą *fingerprinting*, sekwencjonowanie peptydów i białek (Top-Down, Bottom-Up).
4. **Wyznaczanie mas cząsteczkowych** z dokładnością pozwalających na jednoznaczne określenie wzoru sumarycznego możliwie największych molekuł.
5. **Obrazowanie metodą MALDI Mass Spectrometry Imaging** - dystrybucja składników w badanej próbce na poziomie tkanek.

Laboratorium Analiz Strukturalnych

- 6. Analiza posttranslacyjnej modyfikacji białek:** określenie struktury komponenty glikanowej, wyznaczenie miejsca glikozylacji oraz fosforylacji białek.
- 7. 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 mass od kilku do kilkuset kDa. System pozwala również na rozdziały kompleksów białkowych w warunkach natywnych.
- 8. 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 (opcja: ESI-MS, MALDI-MS, MS-MS; lipidy błonowe, lipopolisacharydy, lipid A, oligosacharydy bakteryjne i grzybowe, inne związki niskocząsteczkowe) KGiM, pok. 219A, e-mail: iwona.komaniecka@mail.umcs.pl
- dr Przemysław Grela (opcja: ESI-MS, nanoESI-MS, analiza białek w warunkach natywnych i denaturujących) KBM, e-mail: przemyslaw.grela@mail.umcs.pl
- mgr Katarzyna Suśniak (opcja: MALDI-MSI, MALDI-MS, MS-MS, przygotowanie i obrazowanie tkanek roślinnych przy użyciu techniki MALDI MSI) KGiM, pok. 217A, e-mail: kasiasusniak@gmail.com
- mgr Anita Swatek (opcja ESI-MS, MALDI-MS; lipidy błonowe, inne związki niskocząsteczkowe) KGiM, pok. 201A, e-mail: anita.swatek@mail.umcs.pl

Laboratorium Analiz Strukturalnych - wyposażenie

Chromatograf gazowy sprzężony ze spektrometrem mas (GC-MS) firmy Agilent Technologies, z jonizacją elektronową (EI) oraz chemiczną (CI), przy użyciu metanu. Gaz nośny: HeI 6.0. Kolumna kapilarna HP5-MS.

- 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**) wyposażone w wewnętrzną bazę NIST.08 oraz w bibliotekę własną, utworzoną przez pracowników KGiM.



Lokalizacja aparatu: KGiM, pok. 211Ab
Osoba odpowiedzialna:
dr hab. Iwona Komaniecka, prof. UMCS

Laboratorium Analiz Strukturalnych - wyposażenie

Chromatograf cieczowy (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: KMPiŚ, pok. 102A
Osoba odpowiedzialna:
dr hab. Adrian Wiater, prof. UMCS

Laboratorium Analiz Strukturalnych - wyposażenie

- **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 aparatów: KMPiŚ, pok. 101A
Osoba odpowiedzialna:
dr hab. Mariusz Trytek, prof. UMCS

Najnowsze publikacje:

- Susniak K., Krysa M., Kidaj D., Szymanska-Chargot M., Komaniecka I., Zamlynska K., Choma A., Wielbo J., Ilag L. L., Sroka-Bartnicka A. (2021) Multimodal spectroscopic imaging of pea root nodules to assess the nitrogen fixation in the presence of biofertilizer based on Nod-factors. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 12991. doi: 10.3390/ijms222312991
- Komaniecka I., Susniak K., Choma A., Heine H., Holst O. (2021) The lipid A from the lipopolysaccharide of the phototrophic bacterium *Rhodomicrobium vannielii* ATCC 17100 revisited. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 258; doi: 10.3390/ijms22010258
- Choma A., Zamłyńska K., Mazur A., Pastuszka A., Kaczyński Z., Komaniecka I. (2020) Lipid A from *Oligotropha carboxidovorans* lipopolysaccharide that contains two galacturonic acid residues in the backbone and malic acid a tertiary acyl substituent. *Int. J. Mol. Sci.* 21, 7991; doi:10.3390/ijms21217991
- Jaroszuk-Ściseł, J., Nowak, A., Komaniecka, I., Choma, A., Jarosz-Wilkołazka, 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., Tomczyk, 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>

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
- Poniedziałek, B., Siwulski, M., Wiater, A., Komaniecka, I., Komosa, A., Gąsecka, M., Magdziak, Z., Mleczek, 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., Bieganowski, A., Siwulski, M., Waśko, A., (2019) Fungal (1→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
- Czerwonka A., Wiater A., Komaniecka I., Adamczyk P., Rzeski W., Pleszczyńska M. (2019) Antitumor effect of glucooligosaccharides obtained via hydrolysis of α -(1→3)-glucan from *Fomitopsis betulina*. Molecular Biology Reports. 46 (6): 5977–5982. DOI 10.1007/s11033-019-05032-x