

Katedra Biochemii i Mikrobiologii

Osoba do kontaktu: Aleksandra Chojnacka

A. APARATURA BADAWCZA

1) Spektrometr masowy typu MALDI TOF-TOF (Axima)

Pomiar i analizy zjonizowanych laserem typu gazowo-azotowym, mas cząsteczkowych substancji naniesionych w odpowiednich matrycach na płytki 10 mm 96 dołkowa i 384 dołkowa, Zakres analizowanych mas: od 1 do 500000 Da w trybie liniowym, z dokładnością 30 ppm z wewnętrzną kalibracją. Zastosowana bramka jonowa umieszczona przed celą kolizyjną typu Bradbury-Nielsen, w której gazem kolizyjnym jest hel umożliwia wybór jonu prekursora do dalszej defragmentacji w analizatorze TOF-TOF z użyciem reflektoru. Do analizy uzyskanych wyników mas jonów wykorzystywane jest oprogramowanie Mascot wraz z serwerem oraz oprogramowaniem Distiller dedykowane do identyfikacji białek oraz do badania ich postranslacyjnych modyfikacji

2) Termocykler do przeprowadzania ilościowej reakcji PCR w czasie rzeczywistym z użyciem barwników fluorescencyjnych (Roche)

Amplifikacja i jednoczesna detekcja określonych sekwencji DNA w czasie rzeczywistym. Kwasy nukleinowe, analizowane w tym termocyklerze izolowane są z mikroorganizmów, roślin oraz gleby, w różnych układach doświadczalnych.

3) Ultrawirówka (Sorvall)

Umożliwia wirowanie z szybkością dochodzącą do 200 tys. g, wykorzystywana jest w preparatyce enzymatycznej i do frakcjonowania komórek.

4) Wielomodułowy czytnik płytek umożliwiający pomiar absorpcji UV-VIS, luminescencji oraz fluorescencji (Thermo Scientific)

Zestaw ten służy do pomiarów ilościowych różnych biocząsteczek, produkowanych przez drobnoustroje lub powstających w roślinach jako metabolity wtórne, jak również do pomiaru aktywności enzymatycznych w ekstraktach z bakterii i roślin.

B. WYPOSAŻENIE DODATKOWE

- Termocyklery - przeprowadzanie reakcji PCR, RT-PCT
- Spektrofotometry UV-Vis – pomiary ilościowe różnych biocząsteczek, produkowanych przez drobnoustroje lub powstających w roślinach jako metabolity wtórne, jak również do pomiaru aktywności enzymatycznych w ekstraktach z bakterii i roślin.
- System do dokumentacji żeli - służy do dokumentacji cyfrowej żeli po elektroforezie, wybarwianych na obecność białek lub kwasów nukleinowych, w tym żeli 2D oraz zymogramów
- Mikroskop z kamerą do obserwacji drobnoustrojów - służy do dokumentacji cyfrowej preparatów mikrobiologicznych.

- Wirówki (w tym wirówki z chłodzeniem) z rotorami na probówki typu eppendorf, probówki i paski PCR, falkony, z możliwością chłodzenia prób
- Łaźnie wodne
- Cieplarki
- Zestawy systemów oczyszczania wody
- Zamrażarki (-20°C)
- Zamrażarki do głębokiego mrożenia (-80°C) 2 sztuki
- Autoklawy
- Laboratoryjne wytwornice do lodu
- Zmywarka laboratoryjna z systemem suszenia
- Komory klimatyczne do uprawy roślin w ściśle kontrolowanych warunkach (temperatura, światło, wilgotność)
- Pomieszczenie fitotronowe
- Box w szklarni SGGW

C. specjalistyczne oprogramowania/bazy danych itp. wraz ze wskazaniem wykorzystania

- Oprogramowanie Yasara do modelowania, analizy i wizualizacji struktur makrocząsteczek biologicznych. Umożliwia badanie właściwości i przewidywanie funkcji znanych oraz przewidywanych struktur białkowych.
- Oprogramowanie Qiagen Ingenuity do analiz i wizualizacji sieci zależności biologicznych. Umożliwia badanie zależności funkcjonalnych w obrębie dużych grup białek.
- Oprogramowanie Tibco Spotfire do analiz i wizualizacji heterogennych i wielowymiarowych danych. Umożliwia analizę i ułatwia zrozumienie dużych zbiorów danych, a także integrację różnego rodzaju danych, np. danych proteomicznych i klinicznych.
- Dostępne w sieci serwery FFAS oraz HHpred i Phyre do przewidywania struktur trójwymiarowych białek oraz do wykrywania odległego podobieństwa sekwencji
- Własna kopia serwera FFAS do przewidywania struktur trójwymiarowych białek oraz do wykrywania odległego podobieństwa sekwencji. Umożliwia poszukiwanie nowych rodzin białkowych w dużych grupach białek, np. w pełnych proteomach.
- Własny serwer do analizy funkcjonalnej otoczeń genomicznych. Umożliwia poszukiwanie kontekstu funkcjonalnego nowych rodzin białek.
- Własny serwer do analizy funkcjonalnej współwystępowania genów w genomach różnych organizmów. Własne serwery do operacji na dopasowaniach wielu sekwencji. Umożliwiają analizy i przewidywanie funkcji nowych rodzin białek.
- Dostępne w sieci bazy danych Integrated Microbial Genomes, NCBI Protein / Nucleotide, Protein Data Ban, Uniprot, ProteomeXchange i wiele innych, zawierające dane dot. sekwencji genomów, sekwencji białek oraz ich struktur trójwymiarowych.
- Oprogramowanie Endnote do zarządzania bibliografią.

D. Najważniejsze techniki badawcze stosowane w Katedrze

- badanie ekspresji genów związanych z odpowiedzią roślin oraz mikroorganizmów na różne czynniki zewnętrzne
- analizy zmian w profilach białkowych roślin oraz mikroorganizmów
- profilowanie zmian aktywności enzymatycznej mikroorganizmów oraz roślin
- analiza metagenomiczna środowiska glebowego
- techniki z zakresu biochemii klasycznej – izolacja i oczyszczanie biomolekuł; techniki analizy białek w tym elektroforeza białek: SDS-PAGE, Western blot
- techniki z zakresu mikrobiologii klasycznej – izolacja czystych kultur mikroorganizmów, prowadzenie hodowli mikroorganizmów w układach stacjonarnych i ciągłych, obrazowanie mikroorganizmów w mikroskopie świetlnym