# Detailseite

## Bayerisches Zentrum für Biomolekulare Massenspektrometrie (BayBioMS)

Das Bayerische Zentrum für Biomolekulare Massenspektrometrie (BayBioMS) ist eine hochmoderne Wissenschafts- und Technologieplattform der TU München. Das Zentrum bietet Partnern aus der TU München, aber auch externen Forschungsgruppen auf nationaler und internationaler Ebene Zugang zu modernsten Massenspektrometern. Weiterhin unterstützt das BayBioMS seine Partner mit optimierten Messmethoden zu proteomischen, metabolomischen und bioinformatischen Fragestellungen im diversen Feld der "Life Sciences", wie zum Beispiel der Biomedizin, klinischen Forschung, mikrobiellen Forschung, Pflanzen- oder Lebensmittelforschung.

**Adresse:** Gregor-Mendel-Strasse 4
85354 Freising
Bayern
Deutschland
**Zur Webseite**

## Träger

**Technische Universität München**
Arcisstrasse 21
80333 München
Bayern
Deutschland
http://www.tum.de

## Wissenschaftsgebiet

**Hauptgebiete:**
- Biologie
- Medizin
- Agrar-, Forstwissenschaften, Gartenbau und Tiermedizin
- Chemie

**Nebengebiete:**
- Physik
- Mathematik

## Kategorie

Genomics-, Transcriptomics-, Proteomics, Metabolomics-Einrichtungen

## Wissenschaftliche Dienstleistungen

Bereich Proteomik: Das BayBioMS bietet das komplette Methodenspektrum der modernen Proteomanalytik: - Proteinidentifikation mittels LC-MS/MS aus allen Organismen mit sequenziertem Genom; - relative Proteinquantifizierung mit gängigen Methoden (SILAC, TMT, label-frei); - absolute Proteinquantifizierung mittels isotopenmarkierter Peptidreferenzen wie auch label-freie Proteinkonzentrationsabschätzungen; - Analyse post-translationaler Modifikationen (Phosphorylierung, Acetylierung, uvm.); - Tiefe Fraktionierung von Peptidomen mit verschiedenen Methoden (z.B. high pH reverse phase); - Untersuchungen von Proteinkomplexen; - Projektplanung, Durchführung der Messungen, Datenauswertung, Publikation Bereich Metabolomik: Das BayBioMS bietet das komplette Methodenspektrum der modernen Metabolomanalytik: - Holistisches Metaboliten-Screening mittels TOF-MS in biologischen Proben; - Identifizierung von Phase I oder Phase II Reaktionsprodukten oder anderen Biotransformationen; - Quantitative Bestimmung von Metaboliten beispielsweise mittels Stabilisotopenverdünnungsanalyse; - Projektplanung, Durchführung der Messungen, Datenauswertung, Publikation

## Wissenschaftliche Geräte

- LC-MS/MS: Orbitrap Fusion Lumos Tribrid

- LC-MS/MS: Q Exactive HFX
- LC-MS/MS: Orbitrap Exploris
- MALDI-TOF MS/MS: ultrafleXtreme
- LC-MS/MS: API 5500 QTrap
- LC-MS/MS: Triple TOF 6600
- GC-MS: GCMS-TQ8040

## Schlagworte

- Proteomik
- Metabolomik
- Bioinformatik

## Netzwerke

**Sonderforschungsbereich SFB 1371 („Microbiom Signatures")**
https://www.sfb1371.tum.de/de/

**The European Proteomics Infrastructure Consortium providing access (EPIC-XS), Horizon 2020**
https://epic-xs.eu

**BMBF - CLINSPECT-M - Klinisches Massenspektrometrie Zentrum München**
https://www.gesundheitsforschung-bmbf.de/de/clinspect-m-klinisches-massenspektrometrie-zentrum-munchen-10979.php

## Nutzer/Jahr

**Interne Nutzer:** 40
**Externe Nutzer gesamt:** 40
**Externe Nutzer in Deutschland:** 25
**Externe Nutzer im europ. Ausland:** 13
**Externe Nutzer außerhalb Europas:** 2

© DFG