

## Detailseite

### Core Facility Massenspektrometrische Proteomik (CF-MSP-UKE)

Die Core Facility Massenspektrometrische Proteomanalytik versteht sich als eine wissenschaftliche Einheit, die modernste Methoden der Protein- und Proteomanalytik anwendet sowie neue Methoden der Glykom-, Protein- und Proteomanalytik, etabliert bzw. entwickelt. Diese Methoden werden akademischen Institutionen aus dem Raum Hamburg und Schleswig-Holstein zugänglich macht. Im Vordergrund steht die Proteinidentifizierung gereinigter Proteine und die Anwendung Massenspektrometrie-basierter Strategien der differentiellen quantitativen Proteomanalyse zur Beantwortung biologischer Fragen. Hierzu zählt die Beratung bezüglich der Versuchsplanung und insbesondere der Probenvorbereitung, die experimentelle Durchführung von Proteinidentifizierungen und Proteinquantifizierungen mittels massenspektrometrischer Methoden und die Auswertung und Interpretation massenspektrometrischer Daten.

**Adresse:** N27 Campus Forschung, Martinistraße 52  
20246 Hamburg  
Hamburg  
Deutschland  
[Zur Webseite](#)

## Träger

**Universitätsklinik Hamburg-Eppendorf (UKE), Medizinische Fakultät der Universität Hamburg**  
Martinistraße 52  
20246 Hamburg  
Hamburg  
Deutschland  
<https://www.unitag.uni-hamburg.de/fakultaeten/medizin.html>

## Wissenschaftsgebiet

### Hauptgebiete:

- Biologie
- Medizin

### Nebengebiete:

- Agrar-, Forstwissenschaften, Gartenbau und Tiermedizin
- Chemie
- Physik

## Kategorie

Genomics-, Transcriptomics-, Proteomics, Metabolomics-Einrichtungen

## Wissenschaftliche Dienstleistungen

Zu den wissenschaftlichen Dienstleistung, die von der Core Facility für massenspektrometrische Proteomik angeboten werden, gehören zum einen reine Serviceleistungen, die die Identifikation gereinigter Proteine bzw. gering komplexer Proteingemische aus einer Gelmatrix oder auch in Lösung beinhaltet. In Form von wissenschaftlichen Kooperationen werden folgende wissenschaftliche Methoden angeboten: - Quantitative differenzielle Glykomanalyse und Proteomanalyse im markierungsfreien Ansatz (MS1 basierend [LFQ], Datenunabhängige Massenspektrometrie [DIA]); - Quantitative differenzielle Proteomanalyse mit Markierung (SILAC, TMT); - Chromatografische Biomolekültrennung/fraktionierung (pH abhängige Umkehrphasen Chromatografie, Kationen- / Anionenaustauscher, Verdrängungchromatografie); - Massenspektrometrie intakter Proteine; - Massenspektrometrisches Imaging; - Statistische Auswertung der MS Daten; - Interpretation der Resultate der MS Analysen inklusive Gen-Ontologie und Text-Mining Analysen mit dem Ziel der Entwicklung neuer Hypothesen. Jede Kooperation beinhaltet die Entwicklung von maßgeschneiderten Versuchabläufen und Auswertungen der Ergebnisse im Dialog und enger Zusammenarbeit mit den Kooperationspartnern.

## Wissenschaftliche Geräte

- Orbitrap-Tandem Massenspektrometer (QExactive, Thermo)
- Orbitrap-Tribrid Massenspektrometer (Fusion, Thermo)
- MALDI Time of Flight Massenspektrometer (RapiFlex, Bruker)
- Quadrupol Time of Flight Massenspektrometer (QToF Premier, Waters)
- Triple Quadrupol Massenspektrometer (6430 Agilent)
- UPLC (NanoAcuity, Waters)
- UPLC (Acuity, Waters)
- 2 x UPLC (Dionex Ultimate 3000, Thermo)
- HPLC mit UV/Vis Detektor (1100 Series, Agilent)
- 3 x HPLC Systeme für die Proteinreinigung (GE-Healthcare; 1 x ÄKTA Explorer; 2 x Purifier)
- MALDI Matrix Sprayer (SunCollect, SunChrom)
- 1D & 2D Gelelektrophorese
- Gelfreies System für die Isoelektrische Fokussierung (Agilent, OFF-Gel)

## Schlagworte

- Proteomik
- Datenabhängige Massenspektrometrie (DDA)
- Datenunabhängige Massenspektrometrie (DIA)
- Differenzielle quantitative Proteomanalytik
- SILAC
- TMT
- Top-down Massenspektrometrie von Proteinen
- Chromatographische Proteinreinigung
- Flüssigchromatografie
- Elektrospray Ionisierung (ESI)
- Matrix-unterstützte Laser Desorption/Ionisierung (MALDI)
- 1D & 2D Gelelektrophorese
- Label-freie Quantifizierung
- Analyse von Proteoform
- Glycomics

## Netzwerke

Virtuelles Zentrum für Massenspektrometrie Hamburg / Schleswig Holstein (CMS-HH/SH)  
<https://www.cms-hhsh.de/>

## Nutzer/Jahr

**Interne Nutzer:** 100  
**Externe Nutzer gesamt:** 20  
**Externe Nutzer in Deutschland:** 17  
**Externe Nutzer im europ. Ausland:** 2  
**Externe Nutzer außerhalb Europas:** 1