Detailseite

Massenspektrometrie von Biomolekülen an der LMU (MSBioLMU)

Die Serviceeinheit Massenspektrometrie von Biomolekülen an der LMU (MSBioLMU) ist Teil des Departments Biologie I der LMU München. Sie bietet analytische Dienstleistungen sowohl für interne Forschungsgruppen als auch für externe Institutionen an. Der Schwerpunkt liegt auf der Identifikation und Quantifizierung von niedermolekularen Substanzen (Metabolomics) und Polypeptiden (Proteomics) in verschiedenen Matrizes. Es stehen verschiedene Massenspektrometer und chromatographische Systeme zur Verfügung, darunter ein QTOF-MS/MS (Bruker, Impact), zwei timsTOF-MS/MS-Systeme (Bruker, timsTOF, timsTOF HT) sowie ein GC-TOF-MS (Leco, Pegasus HT). Die Trennung der Substanzen erfolgt mittels LC, Nano-LC oder GC, alternativ kann auch eine direkte Infusionsanalyse ohne chromatographische Trennung durchgeführt werden. Der Service umfasst neben der Probenmessung auch die Beratung zur Versuchsplanung sowie die Datenauswertung. Die Analyse erfolgt mithilfe verschiedener Software-Tools und Bioinformatik, um eine zuverlässige Identifikation von Metaboliten und Proteinen zu gewährleisten.

Adresse: Großhaderner Str. 2-4
82152 Planegg-Martinsried
Bayern
Deutschland
Zur Webseite

Träger

Ludwig-Maximilians-Universität München
Geschwister-Scholl-Platz 1
80539 München
Bayern
Deutschland
http://www.uni-muenchen.de

Wissenschaftsgebiet

Hauptgebiete:
- Biologie
- Chemie

Nebengebiete:
- Medizin
- Agrar-, Forstwissenschaften, Gartenbau und Tiermedizin

Kategorie

Genomics-, Transcriptomics-, Proteomics, Metabolomics-Einrichtungen

Wissenschaftliche Dienstleistungen

Die MSBioLMU bietet Analysen von Metaboliten (Metabolomics) und Proteinen (Proteomics) an. Der polare Anteil einer Probe wird mittels GC-TOF-MS (Leco, Pegasus HT) fragmentiert und mit Datenbanken annotiert. Unbekannte Substanzen werden als "Unknown" klassifiziert und können nach Fragmentmustern Substanzklassen zugeordnet werden. Eine Identifizierung per Standardabgleich ist möglich. Der unpolare Anteil wird mit LC-timsTOF-MS/MS (Bruker, timsTOF) analysiert, wobei durch zusätzliche Fragmentierungen eine Strukturaufklärung einzelner Substanzen erfolgen kann. Auch Pigment- und Fettsäureanalytik (Lipidomics) ist verfügbar. Proteine werden proteolytisch verdaut und die Peptide mittels nano-LC-QTOF-MS/MS (Bruker, Impact II) oder nano-LC-timsTOF-MS/MS (Bruker, timsTOF HT) analysiert. Die Identifikation erfolgt mit MaxQuant. Analysiert werden verschiedenste Matrizes, von einzelnen Gelbanden oder Gelspots bis hin zu hochkomplexen Zelllysaten oder Zellextrakten.

Wissenschaftliche Geräte

- LC-timsTOF-MS
- nanoLC-timsTOFHT-MS
- nanoLC-QTOF-MS
- GC-TOF-MS
- HPLC

Schlagworte

- Massenspektrometrie
- Metabolismus
- Metabolomik
- Proteomik
- Pflanzenphysiologie

Netzwerke

SFB TRR175 - The Green Hub
https://www.tr175.bio.lmu.de/

PhotoRedesign (Redesigning the Photosynthetic Light Reactions)
https://cordis.europa.eu/project/id/854126/de

Nutzer/Jahr

Interne Nutzer: 20
Externe Nutzer gesamt: 17
Externe Nutzer in Deutschland: 15
Externe Nutzer im europ. Ausland: 2
Externe Nutzer außerhalb Europas: 0

© DFG