

Detailseite

Analytics Core Facility Essen (ACE)

Die Analytics Core Facility Essen (ACE) ist eine zentrale Einrichtung des Zentrums für medizinische Biotechnologie (ZMB) und der Fakultät Biologie der Universität Duisburg-Essen und bietet ihren internen und externen Nutzern Zugang zu zeitgemäßer Massenspektrometrie-basierter Proteomik. Die moderne technische Ausstattung der ACE ermöglicht dabei die Bereitstellung eines breit-gefächerten Spektrums an Methoden aus dem Bereich „bottom-up“ und „top-down“ Proteomik. Des Weiteren besteht ausreichend Flexibilität, um innovative Lösungen für projektspezifische Fragestellungen auszuarbeiten. Der Service umfasst dabei alle Aspekte der Massenspektrometrie-basierten Proteomik: von der Beratung und Konzeption von Projekten, über die Probenvorbereitung und –analyse bis hin zur Datenanalyse, Datenmanagement und Interpretation der Ergebnisse.

Adresse: Universitätsstrasse 2
45117 Essen
Nordrhein-Westfalen
Deutschland
[Zur Webseite](#)

Träger

Universität Duisburg-Essen

Universitätsstraße 2
45117 Essen
Nordrhein-Westfalen
Deutschland
<https://www.uni-due.de/>

Zentrum für Medizinische Biotechnologie (ZMB)

Universitätsstraße 2
45117 Essen
Nordrhein-Westfalen
Deutschland
<https://www.uni-due.de/zmb/>

Wissenschaftsgebiet

Hauptgebiete:

- Biologie

Nebengebiete:

- Medizin
- Chemie

Kategorie

Genomics-, Transcriptomics-, Proteomics, Metabolomics-Einrichtungen

Wissenschaftliche Dienstleistungen

Die Analytics Core Facility Essen bietet internen und externen Nutzern folgende Dienstleistungen: (1.) Aufnahme von Massenspektren in Direktmessung mit der Ionisationstechnik ESI, wahlweise mit exakter Massenbestimmung; (2.) UHPLC/HPLC-MS-Messungen (ESI) (3.) Bestimmung der Masse von intakten Proteinen oder Protein-Komplexen (native-MS) (4.) Massenspektrometrische Protein-Identifizierung gereinigter Proben oder komplexer Mischungen, wahlweise qualitativ oder quantitativ (mittels markerfreien Quantifizierung oder mittels "tandem mass tags" (TMT) (5.) Identifizierung und ggf. Quantifizierung von post-translationalen Modifikationen (z.B. Phosphorylierung, Ubiquitinierung, Methylierung) (6.) Analyse von quervernetzten Proteinen (CrossLinking-MS); (7.) Einfache Datenauswertung und Versenden des Übersichts-Spektren-Materials bzw. primärer Ergebnisse (bei Reaktionskontrolle chemischer Reaktionen) (8.) Bei allen Proteomik Projekten: wissenschaftliche Datenanalyse und -interpretation durch die wiss. MitarbeiterInnen der ACE.

Wissenschaftliche Geräte

- Orbitrap Fusion Lumos Massenspektrometer
- Exactive PLUS EMR Massenspektrometer
- LTQ-XL Massenspektrometer
- Triversa nanomate Ionenquelle
- Ultimate 3000 HPLC
- Vanquish Neo UHPLC
- Evosep One HPLC
- Kingfisher Apex Probenvorbereitungsroboter
- Typhoon FLA 9000 Fluoreszenzscanner

Schlagworte

- Proteomics
- markerfreie Quantifizierung (LFQ) MS
- AQUA
- cross-linking MS
- Reaktionskontrolle chemischer Reaktionen
- Tandem Mass Tags (TMT)
- Native Massenspektrometrie
- Affinitätsaufreinigungs-gekoppelte MS

Netzwerke

SFB 1430: Molekulare Mechanismen von Zellzustandsübergängen

<https://www.uni-due.de/crc1430/>

Nutzer/Jahr

Interne Nutzer: 70

Externe Nutzer gesamt: 10

Externe Nutzer in Deutschland: 1

Externe Nutzer im europ. Ausland: 8

Externe Nutzer außerhalb Europas: 1