

Detailseite

Proteomik Plattform - Core Facility (ProtCF)

Die Proteomik Plattform Core Facility (ProtCF) ist am Institut für Klinische Pathologie (IKP) in Freiburg angesiedelt und unterstützt die Massenspektrometrie-basierte Proteomforschung. Die ProtCF bearbeitet Projekte aus der Medizinischen Fakultät der Universität Freiburg, weiteren Fakultäten und externen Projektpartnerschaften. Die ProtCF bietet nicht nur die reine Mess-Dienstleistung unter Verwendung neuester Methoden der Massenspektrometrie an, sondern betreut und übernimmt auf Wunsch das experimentelle Design, Probenvorbereitung, Messung, Datenanalyse, Biostatistik und Dateninterpretation. Das gängige Serviceangebot umfasst: Gel-freie Proteomanalyse unter Verwendung von Data independent acquisition (DIA) oder Data dependent acquisition (DDA), Co-IP- Analysen, Quantitative Proteomvergleiche unter Verwendung labelfreier als auch labelbasierter Quantifizierung (z.B. TMT), Identifizierung von posttranslationalen Modifikationen, Identifizierung von Proteaseschnittstellen mittels N-Terminomik, Identifizierung von Proteinen aus Gelbanden, targeted Proteomics, sowie die Proteomanalyse unterschiedlichster Proben, z.B. aus in vitro Systemen (z. B. Zellkultur) und aus in vivo Systemen (Gewebe aus Tiermodellen, Patientenproben (Frischgewebe, Urin, Serum, Liquor), kryokonserviertes Gewebe und Formalin-fixiertes, Paraffin-eingebettetes Gewebe).

Adresse: Breisacher Strasse 115a
79106 Freiburg
Baden-Württemberg
Deutschland
[Zur Webseite](#)

Träger

Universitätsklinikum Freiburg
Hugstetter Strasse 55
79106 Freiburg
Baden-Württemberg
Deutschland
<https://www.uniklinik-freiburg.de>

Wissenschaftsgebiet

Hauptgebiete:

- Biologie
- Medizin

Nebengebiete:

- Chemie

Kategorie

Genomics-, Transcriptomics-, Proteomics, Metabolomics-Einrichtungen

Wissenschaftliche Dienstleistungen

1) Identifizierung von Proteinen und Peptiden mittels Flüssigchromatographie -Elektrospray Tandem Massenspektrometrie (engl. LC-MS/MS) 2) Vergleichende Quantifizierung (explorativ) mit den folgenden Verfahren: Labelfrei ("LFQ"), metabolisches labeln ("SILAC") oder chemisches Labeln (Dimethylierung oder Tandem Mass Tags) 3) Data-independent acquisition (DIA) Proteomik insbes. für explorative Kohortenstudien 4) Targeted Proteomik: Gezielte Untersuchung (inkl. Quantifizierung) von Peptid- und Protein-panels mittels Single/Multiple Reaction Monitoring bzw. Parallel Reaction Monitoring 5) N-terminomik für Untersuchung von Proteasen 6) Für alle vorgenannten Arten der Proteomik: Probenvorbereitung (gel-basiert oder gel-frei) auch inkl. chromatographischer Vorfraktionierung 7) Datenanalyse mit MaxQuant, Fragpipe, OpenMS, DIA-NN und Spectronaut für explorative Proteomik; Skyline bzw OpenSwath für targeted Proteomik 8) Schulungen und Training zur Proteomik insbesondere für naturwissenschaftliche und medizinische Doktoranden bzw. post-graduierte Wissenschaftler

Wissenschaftliche Geräte

- timsTOF fleX Massenspektrometer
- Q-Exactive+ Massenspektrometer
- Evosep One Chromatographie System
- 2x Nanofluss HPLC
- Stickstoff Generator - Genius XE Nitrogen
- Agilent Bravo (Robotische Probenvorbereitung)
- Agilent 1100 HPLC (Mikrofluss)
- UV/VIS Plattenleser
- Server zur Datenanalyse

Schlagworte

- Proteomik
- Degradomik
- Massenspektrometrie
- MRM/SRM
- Data-independent acquisition (DIA)

Netzwerke

Nutzer/Jahr

Interne Nutzer: 40

Externe Nutzer gesamt:

Externe Nutzer in Deutschland: 4

Externe Nutzer im europ. Ausland: 3

Externe Nutzer außerhalb Europas: 1