

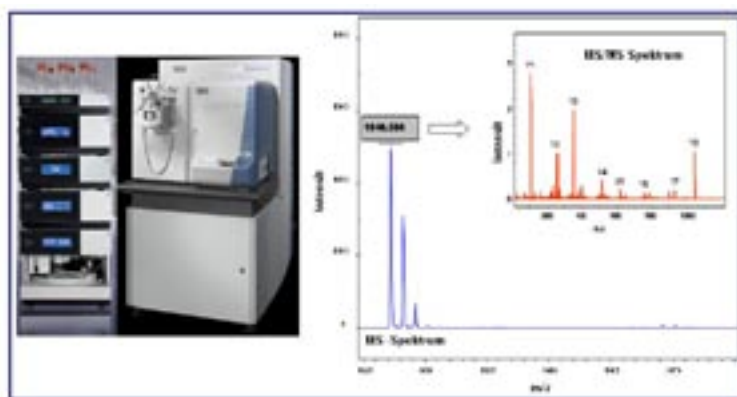
Serviceeinrichtung (Core Unit):

Massenspektrometrie

■ Verantwortlich: Prof. Dr. Andreas Pich

Tel.: 0511 / 532-2808 • <http://www.mh-hannover.de/3197.html>

Die Core Facility massenspektrometrische (MS-) Proteinanalytik ist ein Service-Labor für alle Arbeitsgruppen der MHH. Für MS Analysen werden neuste MALDI- (ABI5800) und ESI- (QTRAP, Orbitrap) Massenspektrometer eingesetzt, die in Hinblick auf Schnelligkeit, Empfindlichkeit und Massengenauigkeit extrem leistungsfähig sind und sich damit exzellent für die Protein- und Proteomanalytik eignen. Hochdruckfähige HPLC-Systeme werden zur Probenvorbereitung verwendet. Mit dieser Ausstattung können folgenden Analysen durchgeführt werden:



- Proteinanalyse
Identifizierung von bekannten und unbekannt Proteinen (Sequenzüberprüfung)
Analyse posttranslationaler Modifikationen
- Proteomics
Proteomanalysen (> 3000 Proteine einer Zelllinie sind darstellbar)
Quantitative Proteomics (ICPL-, iTRAQ-Methodik)
- Gerichtete Proteomics
Bekannte Proteine und ihre PTMs lassen sich mit MRM-Messungen quantifizieren
- Profiling Analysen
Darstellung und Vergleich von Proteinprofilen zur Biomarker-Identifizierung
- Analyse von Glykanen und Glykolipiden
- Analyse und Quantifizierung niedermolekularer Substanzen

Im Jahr 2009 wurden ungefähr 1000 Proteinanalysen für andere Arbeitsgruppen übernommen, wobei die Identifizierung von Proteinen am häufigsten durchgeführt wurde. Posttranslationale Modifikationen, wie Phosphorylierungen und Glykosylierungen wurden in einer Reihe von Proteinen nachgewiesen.

Publikationen unter Beteiligung der Serviceeinrichtung massenspektrometrische Proteomanalytik

Mischak H, Kolch W, Aivaliotis M, Bouyssié D, Court M, Dihazi H, Dihazi GH, Franke J, Garin J, Gonzalez de Peredo A, Iphöfer A, Jänsch L, Lacroix C, Makridakis M, Masselon M, Metzger M, Monsarrat B, Mrug M, Novak J, Pich A, Pitt A, Schanstra JP, Siwy J, Suzuki H, Thongboonkerd V, Wang L-S, Zoidakis J, Zürlbig P, and Vlahou A (2009) Comprehensive human urine standards for comparability and standardization in clinical proteome analysis. Accepted in Proteomics Clinical Applications

Kotz A, Wagener J, Engel J, Routier F, Echtenacher B, Pich A, Rohde M, Hoffmann P, Heese-mann J (2009) The mitA gene of *Aspergillus fumigatus* is required for mannosylation of inositol-phosphorylceramide, but is dispensable for pathogenicity. Fungal Genet Biol. Accepted

Witzendorff D von, Maass K, Pich A, Ebeling S, Kölle S, Kochel C, Ekhlesi-Hundrieser M, Geyer H, Geyer R, Edda Töpfer-Petersen (2009) Characterization of the acidic N-linked glycans of the zona pellucida of prepuberal pigs by a mass spectrometrical approach. Carbohydrate Research 344, 1541-1549

Muetzelburg MV, Hofmann F, Just I, Pich A (2009) Isobaric tags for relative and absolute quantitation coupled with 2D-LC-MALDI-MS/MS techniques enable the identification of biomarkers of C3 exoenzyme treated human neuroblastoma cell lines., J Chromatogr B. 877, 1344-1351