

Service Portfolio

Wissenschaftliche Serviceeinrichtung Proteomanalyse

Rev. 2024-05-10, Author: Dr. Christof Lenz

Unser Angebot

Die Dienstleistungen der Serviceeinrichtung beinhalten die Probenvorbereitung, die Durchführung sowie die primäre Datenauswertung qualitativer und quantitativer Massenspektrometrie-basierter Protein- und Proteomanalysen. Die aufgeführten Preise gelten strikt nur für Forscher*innen der Universitätsmedizin Göttingen (UMG), können gemäß Nutzerordnung jedoch auch auf andere akademische Institutionen des Göttingen Campus (GC) in Kooperation ausgedehnt werden.

Ausstattung

Die Serviceeinrichtung ist mit folgenden Analysensystemen ausgestattet:

- Massenspektrometer Thermo Fisher Scientific Exploris 480 (Hybrid Quadrupol/Orbitrap, QqOT)
- Massenspektrometer Bruker timsTOF Pro 2 (Hybrid Quadrupole/Flugzeit, QqTOF)
- Pressure Biosciences Barocycler 2320 EXT zur Gewebelyse
- Chromatograph GE Äkta Pure 25
- Magnetic Bead-Prozessierer Thermo Fisher Scientific Kingfisher Duo Prime
- Invitrogen Xcell SureLock Mini-Cell System

Projektanfragen & Probenabgabe

Jedes analytische Projekt beinhaltet zwingend eine vorgehende Projektbesprechung mit einer Vertretung der Serviceeinrichtung, um Art und Umfang der Analysen, die Details der Durchführung und Auswertung sowie die erforderliche Kostenerstattung zu vereinbaren. Probensets werden nach vorheriger Absprache per Telefon oder Email im Labor der Serviceeinrichtung (UBFT 3.D2 330) übergeben.



Ansprechpartner:

Dr. Christof Lenz
Telefon: 0551 - 39 65192 (Office) / 39 12501 (Lab)
Email: proteomics.ms@med.uni-goettingen.de

Wo Sie uns finden:

UBFT (UMG Hauptgebäude)
Institut für Klinische Chemie
2.C3 614 (Büro) / 3.D2 330 (Labor)
Robert-Koch-Straße 40
37075 Göttingen

Für die Leistungen der Serviceeinrichtung berechne wir folgende Kosten je Probe zur Rückerstattung:

Leistung	Dauer [h]	Preis ab 01.07.24 [€]	Preis ab 01.07.26 [€]
ESI-MS Analyse per Infusion	0.5	12	13
LC/MS/MS-Analyse von SDS-PAGE-Banden	0.5	14	15
LC/MS/MS-Analyse von komplexen Proben	1.0/1.5/2.0	20/30/40	22/33/44
Vorfraktionierung per RPC18-HPLC	2 h	40	44
Druckbasierter Gewebeaufschluss, je Probe	n/a	12	12
iRT-Standardpeptide zur RT-Kalibrierung, je Probe	n/a	4	4
Anreicherung von Phosphopeptiden, je Probe	n/a	30	33
Datenprozessierung & QC, je Stunde	1 h	48	48

Die dargestellten Kosten gelten für interne Nutzung gemäß Nutzungsordnung und decken jeweils die projektspezifischen Kosten für Probenvorbereitung und -Messung. Für externe Kund*innen und Nutzung im Auftrag fallen ggf. zusätzlich Umsatzsteuer und weitere Kosten gemäß Vollkostenkalkulation an. Für die Durchführung von QC-Messungen und Standards können zusätzliche Kosten anfallen. Die zu erwartenden Kosten werden im Vorfeld der Analysen besprochen und in Form einer Projektvereinbarung schriftlich festgehalten.

Im Folgenden einige Beispielkalkulationen für typische Fragestellungen:

Affinitätsaufreinigung-Massenspektrometrie (AP-MS), 2 Proben + Kontrolle	Anzahl	Preis ab 01.07.24 [€]	Preis ab 01.07.26 [€]
Aufreinigung der Probe mittels SDS-PAGE oder paramagnetischer Beads und Trypsinverdau	n/a	inklusive	inklusive
LC/MS/MS-Analyse mittels DIA-MS 4 biologische x 2 technische Replikate, 1 h	24x	480	528
iRT-Standardpeptide zur Retentionszeitkalibrierung je ein Aliquot pro biologischem Replikat	12x	48	48
Datenprozessierung & QC, je Stunde	2x	96	96
Gesamtkosten		624	672

Expressionsanalyse aus Gewebe, 24 Proben	Anzahl	Preis ab 01.07.24 [€]	Preis ab 01.07.26 [€]
Druckbasierter Gewebeaufschluss, je Probe	24x	288	288
Aufreinigung der Probe mittels paramagnetischer Beads und Trypsinverdau	n/a	inklusive	inklusive
LC/MS/MS-Analyse mittels DIA-MS 2 technische Replikate, 2 h	48x	1.920	2.112
iRT-Standardpeptide zur Retentionszeitkalibrierung je ein Aliquot pro biologischem Replikat	24x	96	96
Datenprozessierung & QC, je Stunde	2x	96	96
Gesamtkosten		2.400	2.592
optional: Erstellen einer Spektrenbibliothek	n/a	1.048	1.144
Gesamtkosten mit Spektrenbibliothek		3.448	3.736