



CHEMICAL ANALYTICS

PROTEOMICS UND ANALYTICAL BIOCHEMISTRY

METHODEN, INSTRUMENTELLE AUSSTATTUNG UND ARBEITSTECHNIKEN FÜR PROJEKTE AUF DEM GEBIET DER PROTEOMIK

Unser Forschungslabor bietet die gesamte Bandbreite an modernsten Methoden und Technologien auf dem Sektor der Proteomik inkl. Beratung und Projektmanagement. Die Schlüsseltechnologien sind:

ELEKTROPHORESE

1D- und 2D-PAGE (zB. vertikale und horizontale Träger-Ampholyten-IEF, IPG-IEF, SDS-PAGE mit verschiedenen Puffersystemen, 2D-PAGE für simultanen Lauf von 12 Großgelen sowie alle gängigen Gelfärbemethoden).

PROTEIN- UND PEPTID-HPLC

RP-HPLC, IEX-HPLC, Affinitätschromatographie (zB für das Depletieren von hochabundanten Proteinen in Serum oder Plasma), HPLC mit monolytischen Säulen, nano-HPLC Trennungen. Alle Techniken sind sowohl für analytische als auch für präparative Anwendungen verfügbar.

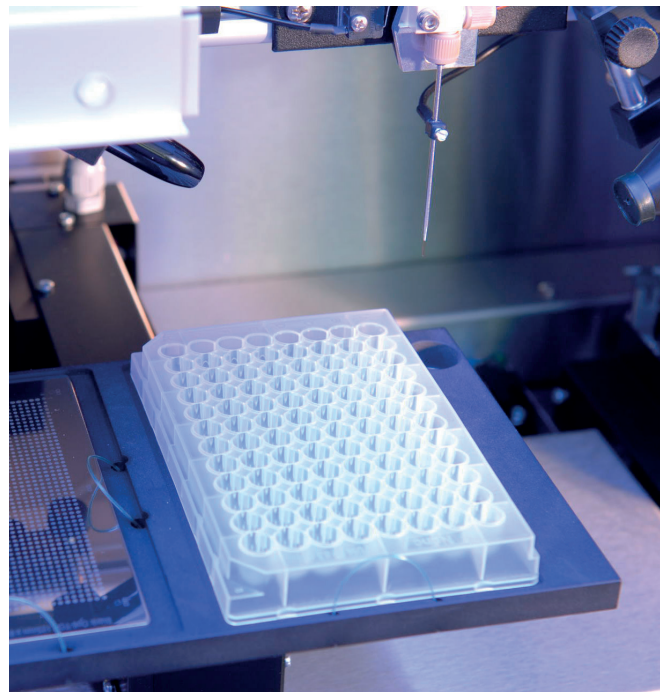
MASSENSPEKTROMETRIE

ESI-MS: Hochauflösende Massenspektrometrie zur Bestimmung akkurater Massen (LTQ-Orbitrap)

MALDI-MS (4800 MALDI TOF/TOF Analysator)

Identifikation von PTMs

Quantifizierung von Proteinen unter Verwendung von Markierungstechniken mit stabilen Isotopen (zB iTRAQ, ICPL, ICAT)



BIOINFORMATIK

Quantitative Bildanalyse von 1D- und 2D-Gelen

MS-Spektrenauswertung und Evaluierung mit zB Mascot, Sequest, ProteinPilot, de novo Sequenzierung

Identifizierung von Biomarkern mittels multivariater statistischer Methoden (zB PCA, PLS-DA)

CHEMICAL ANALYTICS PROTEOMICS UND ANALYTICAL BIOCHEMISTRY

ETABLIERTE ARBEITSTECHNIKEN FÜR PROTEOMIK PROJEKTE:

Unser Serviceangebot umfasst unter anderem:

Entwicklung von Software für die Bildanalyse von 1D- und 2D-Gelen

Eine unserer neuesten Entwicklungen stellt eine Auswertesoftware für die Bildanalyse von 1D-Gelen dar, die in der Dopingkontrolle für die Erfassung von rekombinanten Erythropoietinen verwendet wird. Sie wurde bereits bei den Leichtathletik-Weltmeisterschaften (Helsinki 2005) und Olympischen Winterspielen (Turin 2006) erfolgreich eingesetzt.

Quantitative Proteomik für das Auffinden von Biomarkern

Multidimensionale Trenntechniken sind eine der Schlüsseltechniken für die Quantifizierung niedrig abundanter Proteine und zur umfassenden Charakterisierung von Proteomen. Unsere Workflows umfassen sowohl gelbasierte als auch gefreie Techniken.

Die Methoden werden anhand der Fragestellungen und des Bedarfes des Kunden ausgewählt. Basis ist die Markierung mit Stabilisotopen sowohl auf der Ebene von intakten Proteinen als auch auf Peptid-niveau nach enzymatischer Spaltung. Es werden unter anderem folgende Workflows angeboten: SDS-PAGE-MS, IPG-MS, 2D-PAGE-MS, multidimensionale Chromatographie (mRP, SCX, RP, Perfusionschromatographie, Multiaffinitäts-Chromatographie, etc.).

Die Quantifizierung erfolgt üblicherweise mit HT-MALDI TOF/TOF Massenspektrometrie oder neuesten ESI-Techniken (zB PQD, HCD) und unter Einsatz aktueller Software auf dem Gebiet der Bioinformatik.

Charakterisierung und Identitätsnachweis von rekombinanten Protein- und Peptid-Pharmazeutika (Biosimilarity-Studien)

Die Identität von generischen Pharmazeutika, die auf Proteinen bzw. Peptiden basieren, müssen strengstens überprüft werden. In unserem Labor werden Generika mit nicht-generischen Präparaten verglichen (zB Erythropoietin, hCG, hGH, LH, FSH). Dafür wird eine Kombination aus orthogonalen Techniken angewandt (zB IEF-PAGE, 2D-PAGE, ESI-MSn, MALDI-TOF MS/MS, HPLC mit monolytischen Säulen).

Proteomic Profiling und Klassifizierung

Hier wird hochauflösende Massenspektrometrie für die Bestimmung akkurater Massen eingesetzt. In jeder Probe werden mehrere Tausend charakteristische Massen statistisch evaluiert und für Diskriminanz- und Clusteranalysen herangezogen.



KONTAKT

Seibersdorf Labor GmbH
Chemical Analytics
2444 Seibersdorf, Austria

DR. CHRISTIAN REICHEL

Tel.: +43 50550 - 3572
+43 50550 - 3500 (Sekretariat)
Fax: +43 50550 - 3566
E-mail: christian.reichel@seibersdorf-laboratories.at
Web: www.seibersdorf-laboratories.at/proteomics