



## **Proteom Centrum Tübingen (PCT): Nutzer- und Gebührenordnung**

### **1. Allgemeine Angaben**

Das Proteom Centrum Tübingen (PCT) entwickelt und verwendet modernste Methoden im Bereich der quantitativen Massenspektrometrie (MS)-basierten Proteomik. Des Weiteren ermöglicht das PCT als Mitglied des Quantitative Biology Center (QBiC) Proteomanalysen als Dienstleistung für eine breite wissenschaftliche Gemeinschaft.

Momentan besteht die Belegschaft des PCT aus fünfzehn wissenschaftlichen Mitarbeitern und technischem Personal, das auf ca. 350 m<sup>2</sup> Büro- und Laborraum arbeitet. Die quantitativen Arbeitsabläufe umfassen hauptsächlich die Markierung der Proteine in Zellen bzw. Geweben und Peptiden mit stabilen Isotopen (SILAC, Dimethylierung) und der anschließenden Messung der generierten Peptide in modernsten Massenspektrometern (LTQ-Orbitrap XL und LTQ-Orbitrap Elite, Q Exactive HF, Thermo Fisher Scientific). Des Weiteren verfügt das PCT über die notwendige technische Infrastruktur und fachliche Kompetenz im Bereich der Protein/Peptid-Auftrennung basierend auf verschiedenen HPLC-Methoden (Ionenaustausch-, Umkehrphasen-Chromatographie, etc.) sowie in den Bereichen Zellkultur, biochemische, molekularbiologische und bioinformatische Analyse von „Shotgun“- Daten.

Eigene Forschungsgebiete des PCT beinhalten die Verbesserung genomischer Annotationen mit Hilfe MS-basierter Proteomik (Proteogenomik), sowie die Analyse von Signaltransduktions-Netzwerken und deren Evolution in Prokaryoten und Eukaryoten. Ein besonderer Schwerpunkt liegt dabei auf der Untersuchung Posttranslatonaler Modifikationen (PTM) von Proteinen, insbesondere Phosphoproteomik und der Identifizierung von Kinasesubstraten. Weitere Forschungsgebiete umfassen die vergleichende Proteomik von Modellorganismen.

### **2. Darstellung des Nutzungs- und Betriebskonzepts**

#### **2.1. Nutzungskonzept**

Alle am PCT installierten Geräte werden ausschließlich von geschultem Personal des PCT bedient. Als Proteomik-Service-Einheit der Universität Tübingen wird das PCT alle interessierten Arbeitsgruppen der Universität, des Universitätsklinikums und des MPI für Entwicklungsbiologie

beraten und Analysen durchführen. Das PCT wird bis zu 50 % der verfügbaren Zeit für eigene Forschungsprojekte, Methodenentwicklung, Qualitätskontrolle, Wartung und Reparatur nutzen. Dieses Nutzungsmodell hat sich nach mehr als 700 erfolgreich abgeschlossenen Service-Aufträge als das ausgewogenste bewährt zwischen allgemeinem Zugang zum Gerät, Methodenentwicklung und Nutzung für eigene Forschungsprojekte des PCT.

## **2.2 Angebotene Dienstleistungen**

Proteintrennung mittels SDS-PAGE, Peptidtrennung mittels HPLC, Proteinverdau im Gel und in Lösung, Dimethylierung von Peptiden, Anreicherung und Analyse von phosphorylierten, ubiquitylierten und acetylierten Peptiden, Peptid- und Proteinanalyse mittels Massenspektrometrie (HCD- und CID-Fragmentierung), Peptid- und Proteinidentifizierung mittels Datenbanksuche (MaxQuant Software), SILAC und Label-Free basierende Quantifizierung von Proteinen (MaxQuant Software); einfache bioinformatische Bearbeitung der MS Daten.

## **2.3 Projektabwicklung**

Forschungsprojekte und Kooperationen des PCT werden direkt von Prof. Macek geleitet und von Frau Dr. Mirita Franz-Wachtel oder Dr. Ana Velic koordiniert. Forschungsgruppen, die an einem Service-Einheits-Projekt interessiert sind, können die Kontaktdaten über das Internet erfahren (<http://www.qbic.uni-tuebingen.de/> oder <http://www.pct.uni-tuebingen.de>), das PCT über das QBiC Portal oder direkt kontaktieren, ihre analytische Fragestellung beschreiben und Anfragen zu Messungen stellen.

Ein Team des PCT (Prof. Dr. Boris Macek, Dr. Mirita Franz-Wachtel, Dr. Ana Velic, Johannes Madlung, Irina Droste-Borel und Silke Wahl) trifft sich einmal pro Woche und bespricht die Anfragen und Ergebnisse der laufenden Projekte. Für jedes Projekt wird aus diesem Personenkreis ein Projektverantwortlicher genannt. Außerdem wird entschieden, welche Arbeitsabläufe in Bezug auf Biochemie, Massenspektrometrie und Datenprozessierung in den spezifischen Projekten angewendet werden.

Danach werden die Auftragsteller von dem Projektverantwortlichen kontaktiert und über den Ablauf und die voraussichtliche Dauer des Projekts informiert. Die Proben werden bei Silke Wahl, Irina Droste-Borel oder Johannes Madlung, die für die Probenvorbereitung und die MS-Messungen zuständig sind, abgegeben. Der Projektverantwortliche prozessiert die Daten und informiert die Kooperationspartner über die Ergebnisse.

Alle Einzelheiten zum Projekt werden in die QBiC-Projektdatenbank eingetragen und erzeugte Daten werden über eine sichere Netzwerkverbindung zu QBiC-Servern übertragen und dort gemäß DFG-Richtlinien zehn Jahre lang archiviert.

## **2.4. Vergabe von Nutzungszeit**

Grundsätzlich werden Anfragen von internen Nutzern (Universität Tübingen, Universitätsklinikum Tübingen und Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie) vorrangig bearbeitet. Wenn wegen Überbuchung nicht alle Nutzungsanfragen gleichzeitig erfüllt werden können, erfolgt die Vergabe von Nutzungszeit automatisch nach Reihenfolge der Anfragen. Wenn die Geräte mit internen Service-Projekten nicht maximal ausgelastet sind, werden auch Projekte von externen Nutzern (akademische Einrichtungen) bearbeitet.

## **2.5 Projektkosten**

Alle Analysen werden entsprechend des ausgewählten Arbeitsablaufs und der verwendeten Instrumentenzeit berechnet. Am Anfang jedes Projektes wird ein Kostenvoranschlag erstellt, der vom Auftragsteller verbindlich zu unterschreiben ist. Die erzielten Einnahmen werden genutzt, um die Kosten für Verbrauchsmaterialien (Enzyme, Chemikalien, Gele, HPLC-Säulen), Wartungskosten und Methodenentwicklung der Service-Einheit zu decken. Die Preisliste ist auf Anfrage erhältlich.

## **2.6 Richtlinien für Publikationen**

Die Preise sind subventioniert und decken die Vollkosten der Analysen nicht ab, d.h. eine Koautorenschaft bei Publikationen von am Projekt beteiligten PCT-Mitarbeitern ist mit der Bezahlung von Messungskosten nicht automatisch ausgeschlossen. Fließen Ergebnisse aus Analysen, die am Proteom Centrum Tübingen durchgeführt wurden, in eine Publikation mit ein, muss der am PCT zuständige Projektverantwortliche informiert werden. Die Entscheidung, ob die am Projekt beteiligten PCT-Mitarbeiter als Koautoren aufgenommen oder in den „Acknowledgements“ erwähnt werden sollen, hängt im Wesentlichen vom Ausmaß des wissenschaftlichen Beitrags zur Publikation ab.