

## Proteomik zur Biosystemanalyse und Bioprozessoptimierung

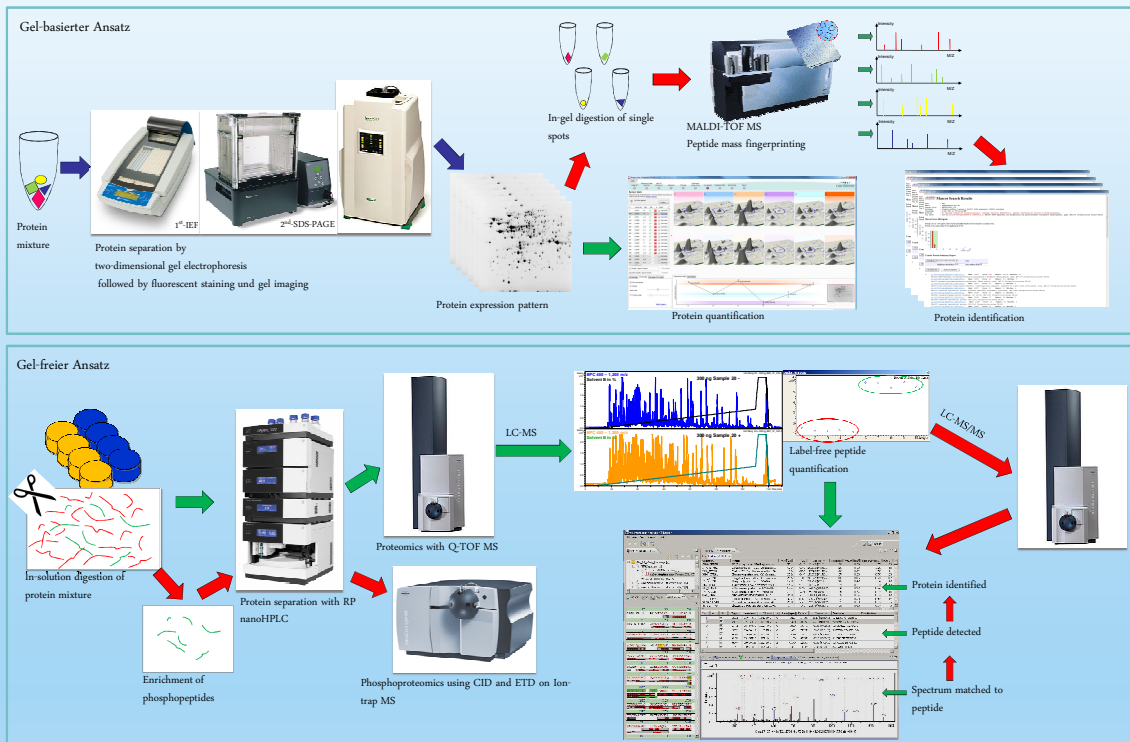
Dr. Wei Wang und Prof. An-Ping Zeng

### Einleitung

Proteomik ist eine der sich schnell entwickelnden „Omics“-Methoden für systembiologische Ansätze, die eine ganzheitliche Betrachtung über ein biologisches System auf Proteinebene bietet. Proteomik wird sowohl in der roten Biotechnologie als auch in der weißen Biotechnologie weit verbreitet angewendet.

### Methodik, Ausstattung und Workflow

Generell werden in der Proteomik zwei grundlegende Strategien zur Analyse komplexer Proteinproben unterschieden: der gelbasierte und der gelfreie Ansatz. Für den gelbasierten Ansatz wird die zweidimensionale Gelelektrophorese (2-D PAGE) am häufigsten benutzt. In Kombination mit MALDI-TOF MS, kann diese klassische Methode zur hochauflösenden Trennung und anschließende Identifizierung von bis zu tausend Proteinen verwendet wird. Wegen der rasanten technischen Entwicklung hat jedoch die Gel-freie Methodik, die auf die moderne Flüssigkeitschromatographie/Massenspektrometrie (LC-MS/MS) basiert, immer mehr an Bedeutung gewonnen. Die beiden Methoden wurden bereits in unserem Institut etabliert.



### Anwendung

Wir verfügen über langjährige Erfahrungen in der Anwendung der 2D-Technik zur Proteomanalyse verschiedener Mikroorganismen. Dabei wurden hauptsächlich mikrobielle Systeme wie *Klebsiella pneumoniae* und *Bacillus megaterium* hinsichtlich ihrer Stoffwechselregulation und Stressreaktionen im Zusammenhang mit der Herstellung von jeweils 1,3-Propanediol und einer rekombinanten heterologen Glucosyltransferase untersucht. Dabei wurden wichtige Kenntnisse zur gezielten Optimierung von Produktionsstämmen und/oder Fermentationsprozessen gewonnen.

Seit Anfang 2009 wurde die 2-D PAGE-basierte Proteomik auch im Rahmen eines BMBF-Systembiologieverbundprojektes zur Untersuchung der Hemmungswirkung eines Biofilm-Inhibitors auf das Mundbakterium *Streptococcus mutans* angewendet. Die gelfreie LC-MS/MS Methode, die für das Erfassen hydrophober Membranproteine unerlässlich ist, wurde auch zur Identifizierung von potentiellen Targets des Inhibitors an Zelloberfläche herangezogen.

#### Suche:

Interessante Fragestellungen und Projektpartner für

- ❖ Gel-basierte und Gel-freie Proteomanalyse
- ❖ Analyse posttranslationaler Modifikationen (z. B. Phosphorylierung)
- ❖ Metabolomanalyse mittels HPLC-MS/MS

#### Biete:

GE Healthcare zwei-Dimensionale Gelelektrophorese System

Dionex RSLC nano System/Bruker maxis Impact Q-TOF System (nano-HPLC-MS/MS)

Dionex Ultimate 3000 System/Bruker amaZon ITP-ETD System (HPLC-MS/MS)

### Contact

Prof. Dr. An-Ping Zeng  
Technical University Hamburg-Harburg  
Institute of Bioprocess and Biosystems Engineering  
Denickestrasse 15, D-21073 Hamburg, Germany  
Phone: +49 40 42878-4183 E-mail: [azeng@tu-hamburg.de](mailto:azeng@tu-hamburg.de) Web: [www.tu-hamburg.de/ibb](http://www.tu-hamburg.de/ibb)