



Cosa offriamo

L'unità di **Proteomica e Metabolomica** fornisce una struttura completa per l'identificazione, caratterizzazione e quantificazione di proteine, metaboliti e lipidi. L'unità comprende varie piattaforme strumentali per la separazione di tali molecole a partire da campioni semplici o complessi. L'analisi proteomica, metabolomica e lipidomica utilizza tecniche all'avanguardia di spettrometria di massa accoppiata a cromatografia liquida (LC-MS/MS).

Servizio

Le nostre attività possono essere suddivise in:

- Servizi di Proteomica
- Analisi dei Dati di Proteomica
- Servizi di Metabolomica
- Servizi di Lipidomica

Innovazione

Aggiorniamo costantemente i nostri protocolli, softwares e tecnologie per assicurare l'alta qualità del nostro lavoro. Ottimizziamo costantemente i protocolli maggiormente utilizzati in proteomica/metabolomica/lipidomica e sviluppiamo nostre metodiche, rendendole poi disponibili per collaborazioni con ricercatori e clienti

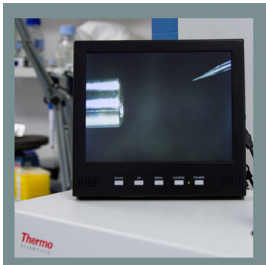
Qualità

La nostra facility lavora in accordo con le linee guida riconosciute dalla comunità scientifica per l'accertamento della qualità dei dati di proteomica e lipidomica, come:

- "Lipid standards initiative guidelines". [lipidomicstandards.org/]
- "Universal Metrics for Quality Assessment of Protein Identifications". [PMID: 16567383]
- "Recommendations for Mass Spectrometry Data Quality Metrics for Open Access Data". [PMID: 22213554]

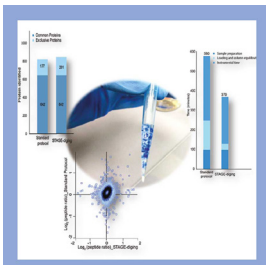
Servizi

SPETTROMETRIA DI MASSA



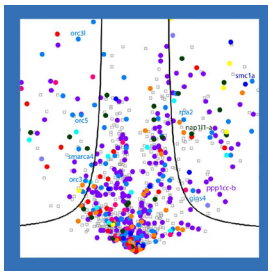
- Determinazione del peso molecolare di proteine intatte in ESI-MS
- Caratterizzazione di peptidi via nano-LC-ESI-MS.
- Acquisizioni di spettri in modalità DDA e DIA

PROTEOMICA



- Identificazione di proteine da gel e in soluzione
- Quantificazione relativa senza marcatura (Label Free)
- Quantificazione relativa tramite marcatura con isotopi stabili (SILAC)
- Identificazione di modifiche post-traduzionali (PTMs)
- Arricchimento di peptidi fosforilati (TiO2 and TiIMAC)
- Profilo proteomico di campioni semplici e complessi (IP, lisati cellulari totali, secretoma, matrisoma, organelli isolati, tessuti)

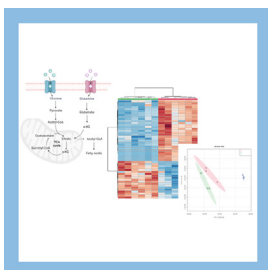
ANALISI DEI DATI



Il report dei risultati fornito e l'interpretazione dei dati sono effettuati con i più recenti softwares proteomici:

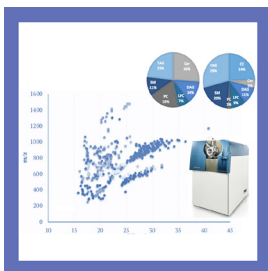
- Mascot, Sequest e Scaffold per l'identificazione di proteine e la validazione di modifiche post-traduzionali (PTMs)
- Proteome Discoverer 1.4 and Proteome Discoverer 2.4 con SequestHT per l'identificazione di proteine e l'analisi di PTMs
- MaxQuant e Perseus per l'identificazione, la quantificazione e l'analisi statistica
- Spectronaut 15.7 usando una library-free (directDIA) o una libreria sperimentale costruita in house (DIA) per l'acquisizione DIA-MS
- Programmi open source (BioGrid, String, Enrich-R) per l'analisi funzionale

METABOLOMICA



- Analisi di Metabolomica targeted (HILIC and RP)
- Analisi di Metabolomica semi-targeted
- Analisi di Metabolomica untargeted
- Stable isotope tracing
- Analisi di estratti cellulari, lieviti, tessuti e altre matrici (contenuto intracellulare ed extracellulare)
- Data Analisi di metabolomica: raw data, normalizzazione, grafici e analisi statistica (PCA, Heatmap e altro) [Xcalibur, MultiQuant, Metaboanalyst, R studio]

LIPIDOMICA



- Analisi di Lipidomica Shotgun (nanoLC-MS/MS)
- Analisi di estratti cellulari, lieviti, tessuti e altre matrici (contenuto intracellulare ed extracellulare)
- Estrazione Folch dei campioni
- Analisi dei dati di Lipidomica (MSdial): raw data, normalizzazione, grafici e analisi statistica (Metaboanalyst)
- Analisi delle classi lipidiche e dei livelli di insaturazione