

Nutzungsordnung Core Unit Funktionelle Genomforschung

1 Vorwort

Die „Core Unit Funktionelle Genomforschung“ (CU_FunGene) ist am Interfakultären Institut für Genetik und Funktionelle Genomforschung in der Abteilung Funktionelle Genomforschung angesiedelt. Das Ziel der CU_FunGene ist es, Wissenschaftler*innen und Angestellte bei der Durchführung von Experimenten im Bereich der Funktionellen Genomforschung durch auf die Peptid-/Proteinanalyse fokussierte massenspektrometrische Messungen sowie Expressionsanalysen zu unterstützen.

Die Nutzungsordnung regelt die störungsfreie Nutzung und stellt dazu Grundregeln für einen sicheren und ordnungsgemäßen Betrieb auf. Die Nutzungsordnung ist für alle Nutzer*innen von Leistungen der Core Unit verbindlich.

2 Inhalt der Nutzungsordnung

Diese Nutzungsordnung regelt die Inanspruchnahme der Beratungs- und Serviceangebote der CU_FunGene. Die Nutzerordnung spezifiziert den angebotenen Leistungsumfang sowie die Voraussetzungen und Regeln für die Nutzung der angebotenen Serviceleistungen. Die hierfür anfallenden Kosten sind als Gebührenkatalog im Anhang aufgeführt. Dieser Katalog kann von der Nutzungsordnung unabhängig geändert werden.

Die angebotenen Dienstleistungen richten sich grundsätzlich an alle Einrichtungen, Arbeitsgruppen und Forscher*innen der Universitätsmedizin Greifswald KöR und der Universität Greifswald. Bei ausreichender Kapazität kann der Nutzerkreis für Kooperationen erweitert und es können auch Forschungseinrichtungen außerhalb Greifswalds einbezogen werden.

3 Vorgehen

Vor dem Beginn der Arbeiten, welche massenspektrometrische Analysen oder Expressionsanalysen an der CU_FunGene beinhalten, muss eine Rücksprache bezüglich der Versuchsplanung und Probenvorbereitung erfolgen. Weiterhin bieten wir eine Beratung zur Anwendung von Proteom- und Expressionsanalysen zur Beantwortung biologischer Fragen an.

3.1 Ausfüllen des Projekt-Fragebogens

Benutzer*innen müssen vor Abgabe ihrer Proben einen Projektfragebogen (Word Datei „Project form“) ausfüllen, welcher die Kontakt- und Projekt-bezogene Daten erfasst. Die Versuchsdurchführenden und Projektleiter*innen bestätigen mit ihren Unterschriften die chemische und biologische Unbedenklichkeit der eingereichten Proben. Der Fragebogen wird als pdf-Datei abgelegt, die darin enthaltenen Daten werden vertraulich behandelt.

Mit der Unterschrift der Projektleiter*innen ist zudem dokumentiert, dass kostenpflichtige Leistungen der CU_FunGene beauftragt werden.

3.2 Probenanlieferung

Die Annahme von Proben zur massenspektrometrischen Analyse oder Expressionsanalyse erfolgt nur zusammen mit einem ausgefüllten „Order-Sheet“ und ist nur nach vorheriger Rücksprache bzw. Anmeldung möglich. Die Anmeldung kann bei den im Anhang namentlich genannten Mitarbeiter*innen erfolgen.

Die Proben sollten den CU_FunGene Mitarbeiter*innen persönlich übergeben werden. Ist die Zahl der Proben eines Projekts von den Mitarbeiter*innen der CU_FunGene nicht ohne Unterstützung innerhalb eines akzeptablen Zeitraums zu bewältigen, können Mitarbeiter*innen der Proben liefernden Gruppe in die Probenvorbereitung eingearbeitet werden und die Arbeiten somit unterstützen.

3.3 Übergabe der Ergebnisse

Die Ergebnisse der massenspektrometrischen Analysen bzw. Expressionsanalysen werden nach Abschluss der Arbeiten übergeben. Die Datensicherung der Rohdaten erfolgt projektbezogen entsprechend den Richtlinien der DFG zur Guten Wissenschaftlichen Praxis durch die CU_FunGene und das Rechenzentrum der Universität Greifswald.

Für die Sicherung der übergebenen Daten und Ergebnisse haben die Antragsteller*innen selber zu sorgen. Rohdaten werden prinzipiell in der Core Facility nach DFG-Vorgabe gespeichert. Während eines laufenden Projektes können prozessierte Daten im begrenzten Umfang und nach Absprache innerhalb der CU_FunGene zwischengespeichert und für eigene Analysen zur Verfügung gestellt werden.

3.4 Selbständige Bearbeitung der Daten innerhalb der CU_FunGene

Zur selbständigen Bearbeitung der massenspektrometrischen Daten bzw. der Expressionsdaten steht in der CU_FunGene eine begrenzte Anzahl von Arbeitsplätzen zur Verfügung, welche nach Absprache zur selbständigen Bearbeitung/Auswertung der Daten genutzt werden können. Die jeweiligen Nutzer*innen erhalten hierzu eine Einweisung und verpflichten sich, die hierbei vermittelten Vorschriften zur Datenspeicherung und zum Datenmanagement einzuhalten. Alle Daten außerhalb der dafür vorgesehenen Speicherbereiche werden als temporär angesehen und können jederzeit gelöscht werden. Die Benutzer*innen verpflichten sich, den genutzten Computer ausschließlich zur Analyse der Daten zu nutzen; das Installieren von Programmen ist untersagt. Bei Zuwiderhandlungen behält sich die CU_FunGene einen Entzug der Nutzungsrechte vor.

3.5 Nutzungsregeln

Die Bedienung der für die Analysen genutzten Massenspektrometer und anderen Geräte erfolgt ausschließlich durch das dafür verantwortliche Personal.

Die Nutzer*innen der CU_FunGene verpflichten sich, die Richtlinien zur Sicherung der Guten wissenschaftlichen Praxis und die ethischen Vorgaben der Universitätsmedizin Greifswald und der Universität Greifswald umzusetzen.

Außerdem haben die Nutzer*innen die in der CU_FunGene gültigen Sicherheitsvorschriften zu beachten.

4 Arten der Interaktion mit der CU_FunGene / Abrechnung der Leistungen

4.1 Arbeiten mit gefördertem Antrag

Falls im Rahmen eines Forschungsantrages massenspektrometrische Analysen oder Expressionsanalysen an der CU_FunGene geplant sind, sollte deren Art und Umfang vorab mit der Einrichtung abgestimmt werden. Es ist auf eine adäquate Berücksichtigung der Kosten im Antrag entsprechend der vorgegebenen DFG-Richtlinien zu achten.

Laut DFG kann für die Nutzung von Massenspektrometern in den Biowissenschaften, die an Gerätezentren betrieben werden, ein festgelegter Betrag in Rechnung gestellt werden (siehe Anhang). Je nach Art der Messung werden pro Probe und Messung bis maximal 4 Stunden Messzeit veranschlagt.

Für zusätzlich erforderliche wissenschaftliche Unterstützung (z.B. weitergehende bioinformatische Analyse der Messergebnisse) können Kosten zusätzlich angesetzt werden (siehe Anhang).

Bei geförderten Anträgen ist bei der Mittelvergabe darauf zu achten, dass für die vorgesehenen Leistungen eine Kostenstelle für die CU_FunGene eingerichtet wird und die Mittel der jeweiligen Kostenstelle zugewiesen werden.

4.2 Arbeiten ohne geförderten Antrag

Im Vorfeld der Leistungserbringung ist/sind die zu belastende/n Kostenstelle/n mitzuteilen. Zur Abrechnung der angefallenen Kosten ist für eine ausreichende Deckung zu sorgen.

4.3 Arbeiten in Projekten mit wissenschaftlicher Beteiligung

Arbeiten mit wissenschaftlicher Beteiligung von Mitgliedern der CU_FunGene werden als Kooperation angesehen. Die Abrechnung der im Rahmen von Kooperationen erbrachten Leistungen wird individuell zwischen den Kooperationspartner*innen abgestimmt. Bei Publikation der Ergebnisse sind die Publikationsregeln der DFG zu beachten und die aktiv an der Kooperation und der Erzeugung der Ergebnisse beteiligten Wissenschaftler*innen als Co-Autor*innen zu nennen.

5 Ausstattung / mögliche Analysen

Die Ausstattung der CU_FunGene (Quadrupol Orbitrap-Massenspektrometer, Ion Mobility gekoppelte QTOF-Geräte sowie Triple Quadrupol-Massenspektrometer jeweils mit Elektrospray-Ionisation und gekoppelt mit nano-HPLC) ermöglicht die Durchführung der folgenden massenspektrometrischen Proteomanalysen:

- Protein Identifikation
 - Gelbanden, -spots, Eluate
- Proteomanalyse mit Quantifizierung unmarkierter Proben
 - DDA oder DIA
- Proteomanalyse mit Quantifizierung markierter Proben
 - SILAC, iTRAQ, ...
- Absolute Quantifizierung von Proteinen/Peptiden
 - SRM, MRM, ...

Außerdem ermöglichen die vorhandenen Geräte (QiaCube, Nanodrop8000, Qubit Fluorometer, Agilent Bioanalyzer, Affymetrix System (Fluidics P450 und Scanner 3000),

Agilent Microarray-Scanner, ABI Quantstudio 7 qRT-PCR, Nanostring nCounter prep station)
die Vorbereitung und Durchführung folgender Expressionsanalysen:

- automatisierbare Extraktion von Proben
- Globale Transkriptomanalysen zur relativen Quantifizierung bakterieller und eukaryotischer Genexpression
- Relative Quantifizierung zellbasierter und zirkulierender RNA Spezies (mRNA, noncoding RNAs wie long noncoding (lnc) RNA oder miRNA)
- Absolute Quantifizierung (Standardkurve qRT-PCR)

Anhang (gültig ab 01.04.2020)

I. Verantwortliche Mitarbeiter für die Probenübergabe

Die Anmeldung von Proben bzw. Analysen kann bei folgenden Mitarbeiter*innen erfolgen:

Proteomanalysen:

- Katrin Schoknecht
- Dr. Elke Hammer / Dr. Leif Steil

Expressionsanalysen:

- Anja Wiechert
- Dr. Ulrike Mäder / Dr. Sabine Ameling

II. Inhalt Projektfragebogen *project form*

- a. Projektverantwortlicher
- b. Beteiligte Wissenschaftler
- c. Projektbeschreibung
- d. Geplante Analyse
- e. Art und Anzahl der Proben
- f. Zeitrahmen

III. Gebührenkatalog (Nutzungsgebühren)

a. Proteomanalysen

Laut DFG kann für die Nutzung von Massenspektrometern in den Biowissenschaften, die an Gerätezentren betrieben werden, ein Betrag bis max. 25 Euro pro Stunde in Rechnung gestellt werden. Je nach Messung werden pro Probe und Messung bis maximal 4 Stunden Messzeit veranschlagt.

Für zusätzlich erforderliche wissenschaftliche Unterstützung (z.B. Bewertung der Peptid-/Proteinidentifikation und die weitergehende bioinformatische Analyse der Messergebnisse) können über die o. g. Kosten hinaus pauschal bis zu 50 Euro pro Stunde angesetzt werden.

Tabelle 1 Gebühren für Proteomanalysen

Leistung	Kosten	Kosten pro Probe
Identifikation von Einzelproteinen aus Gelbanden oder Gelspots - LC-ESI MS/MS Messung (2h) - Bioinformatische Auswertung (DB-Suche) ca. 12 min / Bande/Spot)	50 € pro Bande/Spot	60 €
	10 €	
Identifikation multipler Proteine aus Gelbanden - LC-ESI MS/MS Messung (4h) - Bioinformatische Auswertung (DB-Suche) ca. 30 min / Bande)	100 € pro Bande	125 €
	25 €	
Gesamtproteomanalyse einer komplexen Proteinprobe (Zell- oder Gewebelysate, Proben aus Protein-Protein-Interaktionsstudien, etc.) - LC-ESI MS/MS Messung (4h) - Bioinformatische Auswertung (DB-Suche) ca. 30 min / Probe	100 € pro Probe/Replikat	125 €
Datenanalyse - Quantifizierung - funktionelle Annotation	25 € 50 € / Stunde	bei Bedarf

b. Expressionsanalysen

Die Kosten für Expressionsanalysen sind vom zu analysierenden Organismus/ biologischen Material (Gewebe/ Zellen), den Zielmolekülen (mRNA, miRNA, lncRNA) und den damit für die Amplifikation und Umschreibung der RNA benötigten Chemikalien bzw. für die Analyse einzusetzenden Microarrays abhängig. Diese Verbrauchsmaterialien werden i.d.R. zu den Konditionen der CU_FunGene beschafft und die Kosten vollständig durch den Projektpartner getragen. Zusätzlich in Rechnung gestellt werden die anfallenden Kosten für die RNA-Extraktion, gegebenenfalls Reinigung oder Konzentration sowie die Qualitätskontrolle.

Für zusätzlich erforderliche wissenschaftliche Unterstützung (z.B. Datenaufbereitung und die weitergehende bioinformatische Analyse der Messergebnisse) werden pauschal bis zu 50 Euro pro Stunde angesetzt werden.

Tabelle 2 Gebühren für Expressionsanalysen

Leistung	Kosten
RNA-Extraktion und Qualitätskontrolle (Standard)	15 € pro Probe
RNA-Extraktion und Qualitätskontrolle von Proben, die zusätzliche Anpassungen und Protokolloptimierungen erfordern (RNA-Reinigung, RNA-Konzentrierung, spezifische Konzentrationsbestimmung)	nach Aufwand
Extraktion zirkulierender RNA aus Bioflüssigkeiten und Qualitätskontrolle	20 € pro Probe
Panel-basierte Expressionsanalysen mittels qRT-PCR - Qualitätskontrolle - Quantifizierung - statistische und funktionelle Analyse	50 € / Stunde 50 € / Stunde 50 € / Stunde Bei Bedarf
Globale Expressionsanalysen - Qualitätskontrolle - Quantifizierung - statistische und funktionelle Analyse	50 € / Stunde 50 € / Stunde 50 € / Stunde Bei Bedarf