



## MOLEKULARE BIOANALYTIK

Der Bereich »Molekulare Bioanalytik« des Fraunhofer-Instituts für Zelltherapie und Immunologie ist im Institutsteil »Bioanalytik und Bioprozesse« (IZI-BB) in Potsdam-Golm angesiedelt. Die vier Arbeitsgruppen des Bereiches sind breit aufgestellt und bilden den gesamten analytischen Prozess der molekularen Bioanalytik ab.

Von Herausforderungen in der Probenahme und der Auswahl geeigneter Methoden in der Probenvorbereitung bis zur eigentlichen Messung und einer maßgeschneiderten Datenaufnahme und Analyse kann das gesamte Spektrum abgedeckt werden.

Hochmotivierte Wissenschaftler aus verschiedensten Disziplinen arbeiten gemeinsam mit Ingenieuren und Technikern an Forschungs- und Entwicklungsprojekten in einem hochmodernen Gerätepark.

Die »Molekulare Bioanalytik« am Standort Potsdam-Golm ist personell und infrastrukturell hervorragend ausgestattet, um bspw. auf den Gebieten der Landwirtschaft, Umwelt oder Biomedizin fachübergreifende, innovative Lösungen zu realisieren. Auf Wunsch interpretieren wir für Sie auch die Resultate und unterstützen Sie in der weiteren Verwertung der Messergebnisse.

## KONTAKT

Fraunhofer-Institut für Zelltherapie und Immunologie,  
Institutsteil Bioanalytik und Bioprozesse IZI-BB  
Am Mühlenberg 13  
14476 Potsdam-Golm

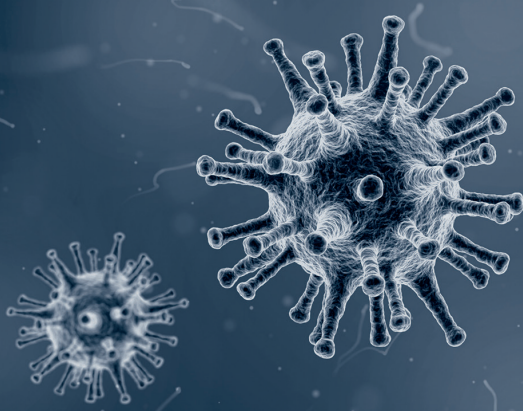
Dr. Markus von Nickisch-Roseneck  
Arbeitsgruppenleiter »Technische Molekularbiologie«  
Telefon +49 331 58187-207  
markus.nickisch@izi-bb.fraunhofer.de

Dr. Sebastian Hoppe  
Arbeitsgruppe »Technische Molekularbiologie«  
Telefon +49 331 58187-320  
sebastian.hoppe@izi-bb.fraunhofer.de

[www.izi-bb.fraunhofer.de](http://www.izi-bb.fraunhofer.de)

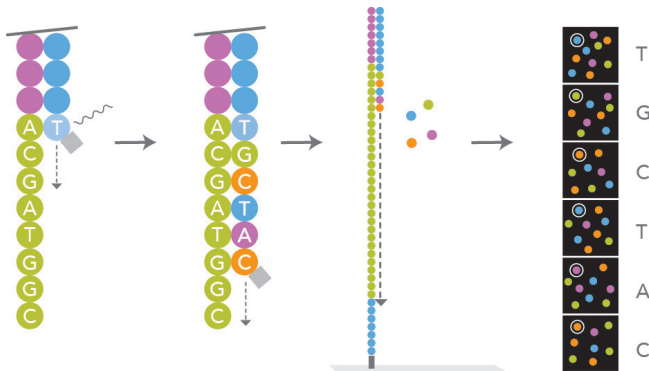
## NEXT-GENERATION- SEQUENCING





## NEXT-GENERATION-SEQUENCING

Das Next-Generation-Sequencing basiert auf dem Sequence by Synthesis (SBS) Prinzip bei dem kurze Moleküle auf einem festen Träger synthetisiert und sequenziert werden. Am Fraunhofer IZI-BB setzen wir diese Technologie ein, um unterschiedlichste Projekte zu bearbeiten und variable Fragestellungen von Kunden/Projektpartnern adäquat zu adressieren. Dank der enormen Flexibilität dieser Technologie sind wir in der Lage ein breites Spektrum an Themen und Proben zu bearbeiten. Das Probenspektrum umfasst dabei DNA, cDNA, mRNA, total RNA, microRNA, 16S rRNA und weitere Nukleinsäurespezies. Mittels NGS ist eine Analyse der wichtigen -Omics Technologien wie Genomics, Transcriptomics, Metagenomics oder Exomics möglich.



### Unsere Ausstattung

Die Abteilung Molekulare und Zelluläre Bioanalytik am Standort Potsdam verfügt über einen Illumina MiSeq. Der MiSeq kann bis zu 25 Millionen reads pro Lauf generieren und verfügt über eine Leseweite von 2 x 300 bp. Resultate eines Sequencing Laufs liegen in der Regel innerhalb von 48 h vor.

### Die Vorteile

- Hochdurchsatz (25 Millionen reads)
- hohe Robustheit und Verlässlichkeit der Daten (Q30 > 70 % für alle Leseweiten)
- kosteneffizient
- flexibel einsetzbar
- breites Anwendungsspektrum

### Anwendungsfelder

- Gesamtgenomsequenzierung von Bakterien/Viren
- Metagenom Analysen via 16S rRNA, z. B. zur Typisierung oder Diagnostik
- Transkriptomanalysen, z. B. für Drug Screening, Therapeutische Anwendungen, Umwelteinflüsse, etc.
- Exomanalysen
- Analysen des Microbioms für Landwirtschaft, Umwelt, Medizin
- Zielgerichtete Sequenzierung von Gen Panels, z. B. für die Krebsforschung, Biomarker, Autoimmunerkrankungen, genetisch bedingte Krankheiten, Forensik, etc.
- Umweltanalytik z. B. aus exotischen Quellen
- Kontrolle von Reinheit, z. B. in der Lebensmittelindustrie (Fleisch o. ä.) oder in anderen Bereichen (Tropenhölzer)
- Kontrolle von Eigenschaften bzw. Abstammung, z. B. für die Züchtung von Pferden, Falken, Hunden, etc.