

<b>Modulbezeichnung</b>		<b>Kurzbezeichnung</b>
Massenspektrometrie und Proteomics		o8-MBC-MSP-161-mo1
<b>Modulverantwortung</b>		<b>anbietende Einrichtung</b>
Inhaber/-in des Lehrstuhls für Biochemie		Lehrstuhl für Biochemie
<b>ECTS</b>	<b>Bewertungsart</b>	<b>zuvor bestandene Module</b>
5	numerische Notenvergabe	--
<b>Moduldauer</b>	<b>Niveau</b>	<b>weitere Voraussetzungen</b>
1 Semester	weiterführend	--
<b>Inhalte</b>		
<p>Das Modul "Massenspektrometrie und Proteomics" beinhaltet einen Vorlesungsteil, der die Grundlagen der Massenspektrometrie von Biomolekülen vermittelt. Es werden u.a. die schonenden Ionisierungsmethoden ESI und MALDI sowie die Funktionsweisen unterschiedlicher Massenanalysatoren wie z.B. TOF und Orbitrap besprochen. Der Vorlesungsteil gibt eine Einführung in die massenspektrometrischen Fragmentierungstechniken CID und ETD, in Trenntechniken für Peptide und Proteine, sowie in die Analyse massenspektrometrischer Daten (Proteindatenbanken, FDR, GO-Terms, etc.). Des Weiteren wird ein Überblick über den Bereich der Quantitativen Proteomics gegeben; hier wird insbesondere auf unterschiedliche Methoden zur Quantifizierung mittels stabiler Isotope (SILAC, N15-Labeling, iTRAQ, etc.) eingegangen. Schließlich gibt die Vorlesung Einblicke in die massenspektrometrische Analyse posttranslationaler Modifikationen. Im Seminarteil des Moduls werden Grundlagen der Analyse massenspektrometrischer Daten vermittelt. Hierfür erhalten die Teilnehmer eine Einführung in unterschiedliche Software-Pakete und erarbeiten dann an exemplarischen Datensätzen eigenständig Lösungen für unterschiedliche Aufgabenstellungen. Im Praktikumsteil des Moduls isolieren die Teilnehmer mittels Affinitätsreinigung einen Proteinkomplex aus Hefe. Dieser wird mittels 1D-SDS-PAGE aufgetrennt und im Gel proteolytisch gespalten. Die erhaltenen Peptide werden mittels nanoLC-MS/MS analysiert. Abschließend erfolgt die Datenanalyse mit dem Ziel der Identifizierung von spezifischen Interaktionspartnern und posttranslationalen Modifikationen.</p>		
<b>Qualifikationsziele / Kompetenzen</b>		
<p>Den Teilnehmern werden auf breiter Basis die theoretischen Grundlagen massenspektrometrischer Protein- und Proteomanalysen vermittelt. Im Seminarteil erlernen die Teilnehmer den Umgang mit Datenanalysesoftware aus dem Bereich Proteomics. Im Praktikumsteil erlernen die Teilnehmer die Affinitätsreinigung eines Proteinkomplexes sowie typische Arbeitsschritte der Probenvorbereitung für die massenspektrometrische Proteinanalyse, wie z.B. SDS-PAGE und in-Gel-Verdau. Die Teilnehmer bekommen einen Einblick in die Bedienung eines nanoHPLC-gekoppelten Massenspektrometers.</p>		
<b>Lehrveranstaltungen</b> (Art, SWS, Sprache sofern nicht Deutsch)		
V (2) + S (1) + P (2) Veranstaltungssprache: Deutsch oder Englisch		
<b>Erfolgsüberprüfung</b> (Art, Umfang, Sprache sofern nicht Deutsch / Turnus sofern nicht semesterweise / Bonusfähigkeit sofern möglich)		
<p>a) Klausur (ca. 45-90 Min.) oder b) Protokoll (20-30 S.) oder c) mündliche Einzelprüfung (20-30 Min.) oder d) mündliche Gruppenprüfung (max. 3 TN, 15-30 Min. je TN) oder e) Referat (20-40 Min.) Prüfungsturnus: jährlich, WS Prüfungssprache: Deutsch und/oder Englisch</p>		
<b>Platzvergabe</b>		
67 Plätze.		
<b>weitere Angaben</b>		
--		
<b>Arbeitsaufwand</b>		
150 h		
<b>Bezug zur LPO I</b>		
--		

**Verwendung des Moduls in Studienfächern**

Master (1 Hauptfach) Chemie (2016)

Master (1 Hauptfach) Chemie (2018)

Master (1 Hauptfach) Biochemie (2019)