



LIFE SCIENCE-AKADEMIE
DR. BICHLMEIER

Weitere Informationen:

Veranstaltungsort: Den genauen Veranstaltungsort finden Sie unter www.lifescience-akademie.de.

Veranstaltungsart: *Präsenzseminar:* Veranstaltungen im Seminarraum / -hotel. *Online-Seminar:* Live-Schulung über das Internet in einem virtuellen Schulungsraum. *Hybrid-Seminar:* Kombination aus Präsenzseminar und Online-Seminar. Die LifeScience Akademie behält sich aufgrund wirtschaftlicher bzw. behördlicher Überlegungen vor, ein geplantes Präsenz-/ Hybrid-Seminar kurzfristig als Online-Schulung durchzuführen oder abzusagen.

Teilnahmegebühr: In der Teilnahme sind folgende Leistungen inkludiert: Seminarunterlagen, Mittagessen u. Pausengetränke (nur bei Präsenz-Schulungen) sowie eine Teilnahmebescheinigung.

Seminaranmeldung: Unter www.lifescience-akademie.de können Sie sich zu unseren Seminaren anmelden. Die Anmeldung wird mit Eingang bei der LifeScience Akademie verbindlich. Sie erhalten eine Anmeldebestätigung.

Leistungsnachweis: Nach jedem Seminar steht Ihnen ein Online-Wissenstests zur Verfügung. Nach bestandenem Test erhalten Sie ein aussagekräftiges Zertifikat mit detaillierter Angabe der Prüfungsinhalte als Nachweis Ihrer neu erworbenen Qualifikationen.

Stornierungsbedingungen: Bis 4 Wochen vor dem Seminarbeginn 10 %, bis 2 Wochen vor dem Seminarbeginn 50 % der Teilnahmegebühr und innerhalb 2 Wochen vor dem Seminarbeginn 100 % der Teilnahmegebühr, es sei denn es wird ein Ersatzteilnehmer desselben Unternehmens gestellt. Bei Absage des Seminars von Veranstalterseite werden die Teilnahmegebühren in voller Höhe zurückerstattet. Weitere Ansprüche sind ausgeschlossen.

www.lifescience-akademie.de/agb

Für weitere Informationen wenden Sie sich bitte an:

LifeScience Akademie Dr. Bichlmeier

Tel: +49 89 45 46 999 4

Email: info@lifescience-akademie.de

www.lifescience-akademie.de



LIFE SCIENCE-AKADEMIE
DR. BICHLMEIER

Interpretation von Massenspektren

11.06.2024

19.11.2024

München / Online

Auch als Inhouse-Schulung buchbar



Alle Termine und Veranstaltungsdetails auf:
www.lifescience-akademie.de

Wer sollte daran teilnehmen

Das Tagesseminar richtet sich an LC-MS (teilweise auch an GC-MS) Anwender, die ihre Kenntnisse in der Interpretation von Massenspektren weiter ausbauen wollen. Grundlagen und Besonderheiten der Spektrenauswertung werden ebenso behandelt wie die Erstellung und Verwendung von Spektrenbibliotheken.

Grundkenntnisse in der Massenspektrometrie werden vorausgesetzt. Wir empfehlen den vorherigen Besuch der Seminare: „Grundlagen der Massenspektrometrie“ und „LCMS-Kopplungstechniken“.

Was wird vermittelt

Die Massenspektrometrie ist ein nicht mehr wegzudenkendes Instrument zur Aufklärung unbekannter Strukturen und zur Analyse komplexer Gemische sowohl in der chemischen als auch der biochemischen Analytik.

Die Interpretation der gewonnenen Daten ist eine echte Herausforderung. Die Ergebnisse der vorhandenen software-gestützten Auswertungen sind nur dann verlässlich interpretierbar, wenn vertiefte Kenntnisse zu den Grundlagen der Messungen selber als auch der Auswertung von Massenspektren vorhanden sind. Somit lassen sich Fehler schnell aufspüren und Ergebnisse richtig interpretieren.

In diesem Seminar werden Strategien und Vorgehensweisen zur Interpretation von MS-Spektren erarbeitet. Durch praktische Übungen werden die Möglichkeiten der Auswertung vermittelt, in gängige Software eingeführt und deren Vor- und Nachteile erläutert. Ziel des Seminars ist es, zukünftig Spektren selbstständig interpretieren zu können.

Termine:	11.06.2024 (Hybrid) 19.11.2024 (Online)
Veranstaltungsort:	München bzw. Online
Teilnahmegebühr:	455,00 € Online-Teilnahme 650,00 € Präsenz-Teilnahme (zzgl. 19% MwSt.)
Beginn/ Ende:	09:00-17:00 h
Dauer:	8 UE

Anmeldung und weitere Informationen finden Sie unter:
www.lifescience-akademie.de

Inhalte

Einführung und Wiederholung von MS-Grundlagen

- Ionisierungsverfahren
- Typen und Eigenschaften von Massenanalytoren
- Fragmentierung und Fragmentierungsmethoden
- Aufbau und Terminologie von MS-Spektren

Grundlagen der Interpretation von MS-Spektren

- Bewertung verschiedener Spektren und Peaks (Addukte, Mehrfachladungen)
- Exakte Masse und Elementarzusammensetzung
- Besonderheiten durch das Ionisierungsverfahren

Auswertung und Interpretation von Spektren

- Manuelle Auswertung von MS-Spektren von kleinen Molekülen (Stickstoffregel, Fragmentierung)
- Manuelle Auswertung von MS-Spektren von Peptiden
- Software-unterstützte Auswertung von MS-Spektren von kleinen Molekülen
- Software-unterstützte Auswertung von MS-Spektren von Peptiden
- Abgleich mit Spektrenbibliotheken

Referentin

Frau Dr. Riedner hat in Berlin Biochemie studiert und am Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf im Bereich chromatographische Aufreinigung und massenspektrometrische Identifizierung von Proteinen und Peptiden promoviert. Anschließend leitete sie 10 Jahre die massenspektrometrische Serviceabteilung im Fachbereich Chemie der Universität Hamburg. Seit 2022 koordiniert sie den Aufbau der gemeinsamen Technologieplattform Massenspektrometrie der Universität Hamburg und des Hamburger Universitätsklinikums.