



Massenspektren richtig interpretieren

Ein Leitfaden für Laborprofis

9 – 17 Uhr
Online Live

Zielgruppe

Wissenschaftler/-innen und Labormitarbeiter/-innen, die mit der LC-MS (teilweise auch GC-MS) arbeiten und die ihre Kenntnisse in der Interpretation von Massenspektren weiter ausbauen wollen. Angesprochen sind vor allen Dingen Labormitarbeiter/-innen, welche die Daten der LC-MS auswerten und bewerten.

Lernziele & Nutzen

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.

Unsere Expertin



Frau Dr. Maria 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.

Seminarinhalte

Einführung und Wiederholung von MS-Grundlagen

- Ionisierungsverfahren
- Typen und Eigenschaften von Massenanalysatoren
- 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

Seminar details

Termine:	08.04.2025 (Dienstag) 27.11.2025 (Donnerstag)
Veranstaltungsort:	Online
Teilnahmegebühr:	455,00 € / 541,45 € (inkl. 19% MwSt.)
Beginn/ Ende:	09:00-17:00 h

Für weitere Informationen wenden Sie sich bitte an:
LifeScience Akademie Dr. Bichlmeier
Tel: +49 89 45 46 999 4
E-Mail: info@lifescience-akademie.de
www.lifescience-akademie.de