

Stopped-flow Enzymkinetik	<p>Dauer: 1 Woche Teilnehmerzahl: max 4 Personen/Woche (2-er Gruppen) Zielgruppe: Masterstudenten der Biochemie (Bioanalytik A Praktikum) Betreuer: Dr. Sandra Schlee (Lehrstuhl Sterner) Praktikumsinhalte: Praktische Einführung am Stopped-flow Fluoreszenzspektrometer, pre-steady-state Messungen, kinetische Untersuchung schneller Enzymreaktionen, Datenauswertung mit globalen Fit</p>
Analyse der Dynamik von DNA Holliday Junctions mittels Förster-Resonanzenergietransfer	<p>Dauer: 1 Woche Teilnehmerzahl: 2 Zielgruppe: Masterstudenten der Biochemie (Bioanalytik A Praktikum) Betreuer: Prof. Dr. Dina Grohmann, Andreas Schmidbauer Praktikumsinhalte und Methoden:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Analyse der Dynamik von DNA Holliday Junctions • Einzelmolekül-Fluoreszenzspektroskopie; FRET • TIRF Mikroskopie • Gelelektrophorese • Datenauswertung mit iSMS und Origin
Shotgun-Proteomics	<p><u>Bioanalytik-Praktikum Massenspektrometrie: Dr. Bruckmann</u> 1. <i>In-solution</i> Trypsinverdau eines komplexen Proteingemischs (FASP-Methode), anschließend Vorfraktionierung des Peptidgemisches für die LC-MSMS-Analyse durch: a) OFFGEL-Fraktionierung b) Kationenaustauschersäulchen 2. Kennenlernen der LC-MSMS-Methode am Q-TOF-Gerät (Maxis plus, Bruker Daltonics) sowie der Datenauswertung mit ProteinScape (Bruker Daltonics) und/oder Scaffold (Proteome Software)</p>
Quantitative Proteomics- <i>Selected Reaction Monitoring</i>	<p><u>Bioanalytik-Praktikum Massenspektrometrie: Dr. Bruckmann</u> 1. <i>In-solution</i> Trypsinverdau eines Proteinkomplexes sowie eines Peptidconcatemers als <i>Spike-in</i> Standard 2. Aufsetzen einer Methode für das <i>Selected-Reaction-Monitoring</i> in Skyline (University Washington, Seattle) 3. Testmessungen des Spike-in Standards (Verdünnungsreihe, Optimierung von Messparametern) am QTRAP-Gerät (SCIEX, Darmstadt) 4. Messung des Proteinkomplexes mit <i>Spike-in</i> Standard und Auswertung in Skyline</p>

<p>Epigenetik - Von der Charakterisierung der Antikörper bis zur "Next Generation" Sequenzierung des Histon codes</p>	<p>Dauer: 2 Wochen, nach Vereinbarung Teilnehmerzahl: Maximal 15, in 3er Gruppen Zielgruppe: Masterstudenten der Biochemie (Bioanalytik A Praktikum); Masterstudenten der Biologie und MolMed</p> <p>Betreuer: Prof Gernot Längst; Prof Michael Rehli, Dr Christian Schmidl</p> <p>Praktikumsinhalte</p> <ul style="list-style-type: none"> • Charakterisierung der Bindungsaffinität und -spezifität von Antikörpern mittels Microscale Thermophoresis, nano Differential Scanning Fluorometry. • Chromatin Immunopräzipitation von modifizierten Histonen aus Tumorzellen • Next Generation Sequenzierung: Library Herstellung, Qualitätskontrolle mittels qPCR, NGS-Sequenzierung • Annotierung der Sequenzierung an das humane Genom • Bioinformatische Analyse der Daten
<p>Struktur Biochemie der Membranproteine</p>	<p>Dauer: 2 Wochen Teilnehmerzahl: max 4 Personen (2-er Gruppen) Zielgruppe: Masterstudenten der Biochemie (Bioanalytik A Praktikum) Betreuer: Prof. Dr. Ch. Ziegler, Dr. MG. Madej</p> <p>Praktikumsinhalte:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Heterologe Expression und Isolierung eines Membranständigen Transporters (BetP). • Rekonstitution von BetP in Membranen-Mimics (NanoDiscs). • Probenvorbereitung für elektronenmikroskopische Einzelteilchen Analyse. • Datenaufnahme am Elektronenmikroskop von Schwermetall-kontrastierter Probe. • Rekonstruktion der Dichtekarte mittels RELION und cisTEM Software. Interpretation der Dichtekarten mit atomaren Modellen in phenix und coot Software.
<p>Strukturelle und Funktionelle Analyse eukaryotischer Transkriptionsmaschinerien</p>	<p>Dauer: 2 Wochen Teilnehmerzahl: 4 Personen in zweier-Gruppen Zielgruppe: Masterstudenten der Biochemie (Bioanalytik A Praktikum) Betreuer: Prof. Dr. Christoph Engel, Michael Pils, Florian Heiß</p> <p>Praktikumsinhalte und Methoden:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Fermentation von Hefen • Aufreinigung von multi-subunit RNA-Polymerasen I und II aus Hefe-Extrakten (Affinitätsreinigung) • Biochemische Charakterisierung mittels Chromatographie- und Gelelektrophorese-Methoden

	<ul style="list-style-type: none">• Fluoreszenzbasierte Aktivitätsanalyse der RNA-Elongations- und Spaltungsaktivität der eigenen Proben• Techniken zur Probenstabilisierung (Crosslinking/Gradientenfixierung)• Vorbereitung von Negative stain (Raumtemperatur) und cryo-EM grids (-200°C)• Datenaufnahme am 200keV Elektronenmikroskop• Selbstständige Datenauswertung und 3-Dimensionale Rekonstruktion von (cryo-)EM-Dichten der eigenen Proben
Wegener	
Kerkhoff	
Oeffner	
Sprangers	