

**Fragenkatalog
MS-2
VO: 2710150**

Allgemeine Instrumentierung

- (-) Welche Möglichkeiten haben Sie, die Empfindlichkeit einer MS Analyse zu beeinflussen?
Welche Möglichkeiten dazu gibt es im Wege des apparativen Designs des Massenspektrometers?
Welche Möglichkeiten dazu gibt im Bereich der gewählten Methodik/Strategie, welche im Bereich der Analysenbedingungen?
- (-) Sie benötigen für den von Ihnen hauptsächlich ausgeführten Typ von Analysen besonders hohe Empfindlichkeit. Es stehen Ihnen mehrere MS Instrumente Typen zur Verfügung. Von welchen Instrumententypen würden Sie sich bezüglich Empfindlichkeit besonders viel erwarten, auf welche apparativen Details würden Sie Wert legen?
- (-) Mit welchen MS-Instrumenten können Sie Auflösungswerte > 40.000 und eine Massenrichtigkeit im Bereich von 1-2 ppm erreichen? Welche analytischen Möglichkeiten eröffnet Ihnen die hohe Massenrichtigkeit?

Ionisation / Desorption

- (-) Wie unterscheiden sich nano-Spray und Standard- Micro-Spray in der ESI? Welche sind die wesentlichen prinzipiellen Vorteile von nano-Spray-ESI?
- (-) Welche Desorptions/Ionisationsmethoden kennen Sie? Welche arbeiten unter Vakuum-, welche unter „atmospheric pressure“ (API) Bedingungen? Welche sind die jeweiligen besonderen Stärken der Methoden?
- (-) Wofür und mit welchen Benefits können Ionische Flüssigkeiten in der Massenspektrometrie eingesetzt werden?
- (-) Welche Möglichkeiten der Ionisierung in der Imaging-Massenspektrometrie kennen Sie?

Analysatoren

- (-) Beschreiben Sie die Funktionsweise eines FT-ICR-MS Instrumentes. Wie können sie damit molekulare Massen bestimmen? Welche analytischen Möglichkeiten eröffnet Ihnen dieses Instrument? (Adressieren Sie dabei die Aspekte: Auflösung, Empfindlichkeit, „Cycle-time“, Ionenfragmentierung u.a.)

(-) Beschreiben Sie die Funktionsweise einer Orbitrap. Wie können sie damit molekulare Massen bestimmen? Welche analytischen Möglichkeiten eröffnet Ihnen dieses Instrument? (Adressieren Sie dabei die Aspekte: Auflösung, Empfindlichkeit, „Cycle-time“, Ionenfragmentierung u.a.)

(-) Beschreiben Sie den Aufbau eines ESI-Qq-oaTOF Instrumentes. Geben Sie dazu eine Schemazeichnung. Warum kann man mit diesen Instrumenten rel. hohe Auflösungswerte erzielen? Welche analytischen Möglichkeiten eröffnet Ihnen dieses Instrument? (Adressieren Sie dabei die Aspekte: Auflösung, Empfindlichkeit, „Cycle-time“, Ionenfragmentierung u.a.)

(-) Beschreiben Sie die Funktionsweise eines MALDI-TOF/TOF Instrumentes. Welche Auflösungswerte kann man damit erzielen und wodurch werden diese erreicht? Wie geschieht die Auswahl der Precursor-Ionen? Wie realisieren Sie CID in einem TOF/TOF Instrument, wie machen Sie eine PSD Analyse?

(-) Mit welchen funktionellen Teilen kann man erreichen, dass ein MALDI-TOF Instrument für folgende Problemlösungen eingesetzt werden kann?

- (a) Analyse mit Auflösungswerten >10.000
- (b) Mehrstufen-MS mit Precursor-Auswahl
- (c) Analyse von post-source-decay-ionen
- (d) high-energy-CID Fragmentionenanalyse

Geben Sie bitte eine Schemazeichnung eines Gerätes, das alle 4 Funktionen erfüllen kann.

(-) Welche analytischen Möglichkeiten eröffnet Ihnen die Kombination von drei Quadrupol Analysatoren hintereinander?
Geben Sie jeweils Beispiele dafür an, für welche analytischen Problemstellungen die mit diesem Instrument möglichen unterschiedlichen Arbeitstechniken besonders gut eingesetzt werden können.

(-) Beschreiben Sie die Funktionsweise von Ionenfallen-Massenanalysatoren? Wie kann damit ein Massenspektrum erhalten werden? Welche einzelnen Schritte umfasst ein Arbeitszyklus einer Ionenfalle im Mehrstufen-MS Betrieb? Welche Leistungsdaten erwarten Sie von Ionenfallen Analysatoren?

(-) Worauf beruht Ion-Mobility-MS und wie wird sie realisiert? Welche analytischen Möglichkeiten bietet diese Methode? Wo sehen Sie Einsatzgebiete?

Fragmentierung

(-) Wie können Sie beim Einsatz weicher Ionisierungsmethoden zu Fragmentionenspektren gelangen? Beschreiben Sie einige der in Frage kommenden Möglichkeiten.

(-) Welche Arten der Fragmentierung von Ionen im Rahmen von Mehrstufen MS kennen Sie? Wie unterscheiden sich diese prinzipiell? In welchen Instrumenten, für welche Stoffgruppen und für welche Fragestellungen werden diese bevorzugt eingesetzt?

(-) Von welchen Einflussgrößen (die Sie als Experimentator(in) beeinflussen können) hängen CID Fragmentierungsmuster ab? Geben Sie einige Beispiele dafür an.

(-) Wie funktionieren CID und ETD. Von welchen Ionentypen gehen Sie dabei bevorzugt aus? Illustrieren Sie die unterschiedlichen Fragmentierungen von Peptidstrukturen bei Einsatz von CID und EDT.

(-) Welche Fragmente entstehen bevorzugt bei der CID Fragmentierung von Glykostrukturen? Wie lassen sich diese Fragmentierungsmuster beeinflussen?

Quantitative Analyse

(-) Welche Möglichkeiten sehen Sie, MS in der quantitativen Analyse einzusetzen? Welche generellen Probleme müssen Sie dabei besonders berücksichtigen? Welche Strategien für die absolute bzw. relative Quantifizierung kennen Sie?

(-) Welche auf MS beruhenden Strategien für die relative Quantifizierung von Peptiden im Rahmen von quantitativen Proteom Analysen kennen Sie?

(-) Welche Möglichkeiten sehen Sie, MS in der quantitativen Analyse einzusetzen? Worin bestehen allfällige Probleme und wie können Sie diese überwinden? Welche auf MS beruhenden Strategien für die relative Quantifizierung von Peptiden im Rahmen von quantitativen Proteom Analysen kennen Sie?

Qualitative Analyse

(-) Auf welche Weise kann MS zur Identifizierung von Verbindungen beitragen?

(-) Wie kann MS zur Identifizierung von Proteinen beitragen? Beschreiben Sie die Analysenstrategie(n) im Detail.

(-) Wie kann MS zur Aufklärung von Protein Strukturen beitragen? (Primär-, Sekundär-, Tertiär-, und Quartärstruktur)

(-) Wie kann MS zur Aufklärung von Zucker-Strukturen beitragen?

(-) Welche Information können Sie aus einem H/D-Austausch Experiment gewinnen? Wie führen Sie ein solches Experiment durch? Wie erwarten Sie das Aussehen der MS Spektren im Rahmen eines solchen Experimentes?

(-) Welche auf MS beruhenden Strategien zur Aufklärung der Sekundär-Struktur von Proteinen und der „Bindungs“-Bereiche von Proteinkomplexen kennen Sie? Geben Sie das jeweils zu Grunde liegende Konzept dazu an, sowie die generelle Vorgehensweise.