

<b>M4456</b>		<b>Biomolekulare Kristallographie</b>		
		<b>Biomolecular Crystallography</b>		
<b>Modulverantwortliche/r</b> PD Dr. Oliver H. Weiergräber (o.h.weiergraeber@fz-juelich.de)				
<b>Dozentinnen/Dozenten</b> PD Dr. Renu Batra-Safferling, PD Dr. Joachim Granzin, Prof. Dr. Jörg Labahn, PD Dr. Oliver H. Weiergräber				
<b>Modulorganisation</b> PD Dr. Oliver H. Weiergräber (o.h.weiergraeber@fz-juelich.de)				
<b>Arbeitsaufwand</b> 420 h	<b>Leistungspunkte</b> 14 CP	<b>Kontaktzeit</b> 300 h	<b>Selbststudium</b> 120	<b>Dauer</b> 6 Wochen
<b>Lehrveranstaltungen</b> Praktikum: 18 SWS Vorlesung: 2 SWS		<b>Häufigkeit des Angebots</b> Sommersemester (Starttermin nach Absprache)		<b>Gruppengröße</b> 4 Studierende
<b>Lernergebnisse/Kompetenzen</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Die Studierenden können Strategien zur Reinigung und Charakterisierung biologischer Makromoleküle, insbesondere zum Zwecke der Kristallisation, entwickeln und umsetzen.</li> <li>• Sie sind in der Lage, Röntgendiffraktionsdaten selbstständig auszuwerten und deren Qualität realistisch einzuschätzen.</li> <li>• Sie können unter Verwendung von Phaseninformation aus verschiedenen Quellen erste Strukturmodelle erstellen, diese vervollständigen, verfeinern und validieren.</li> <li>• Sie sind imstande, die durchgeführten Experimente in Form eines Protokolls angemessen zu dokumentieren, die Ergebnisse zu interpretieren und zu bewerten.</li> <li>• Sie können ihre Daten in Form eines zielgruppengerechten Vortrags aufbereiten und präsentieren.</li> </ul>				
<b>Lehrformen</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Vorlesung, praktische Übungen</li> <li>• Medien: Gedruckte Praktikumsunterlagen, Online-Medien, Linux-basierte Computersysteme</li> </ul>				
<b>Vorlesungsblock</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Proteinexpression, Proteinreinigung, Kristallisation</li> <li>• Streutheorie, Fouriertransformation, Beugungsmethoden</li> <li>• Phasenbestimmung (Schwerpunkt experimentelle Verfahren, Direktmethoden)</li> <li>• Strukturverfeinerung, Strukturvalidierung</li> </ul>				
<b>Praktische Übungen</b>				
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Kristallisationstechniken (wasserlösliche Proteine vs. Membranproteine; Einsatz eines Screening-Roboters)</li> <li>• Symmetrie und optische Eigenschaften von Kristallen (Morphologie, Polarisations- und Fluoreszenzmikroskopie)</li> <li>• Röntgenbeugung (Umgang mit Cryo-System, Drehanodengenerator, Röntgendetektor)</li> <li>• Präparation von Schweratomderivaten</li> <li>• Datensammlung (native Daten, Derivatdaten, anomale Daten)</li> </ul>				

- Auswertung (Integration und Skalierung der Daten, Qualitätskriterien)
- Bestimmung von Schweratompositionen und Phasenberechnung (Fourier-Techniken, Direktmethoden)
- Interpretation von Elektronendichtekarten bei unterschiedlicher Auflösung der Beugungsdaten
- Verfeinerung und Validierung des Proteinmodells
- Analyse und Präsentation

### **Sonstiges**

- Umgang mit Linux/Unix-Betriebssystemen
- Verwendung kristallographischer Software

### **Teilnahmevoraussetzungen**

Erfolgreiche Teilnahme an einem Modul (M.Sc. oder B.Sc.), welches Grundlagen der Röntgenkristallographie vermittelt

### **Prüfungsformen**

- Kompetenzbereich Wissen und Dokumentation (70 % der Note): Abschlussbericht
- Kompetenzbereich Präsentieren (30 % der Note): Seminarvortrag

### **Voraussetzungen für die Vergabe der Leistungspunkte für dieses Modul**

- Regelmäßige und aktive Teilnahme an Vorlesung, Praktikum und Seminar
- Bestehen des Kompetenzbereichs Wissen und Dokumentation (Abgabe eines Abschlussberichts, der den Anforderungen wissenschaftlicher Dokumentation entspricht)
- Halten eines Seminarvortrags, der den Minimalstandards genügt

### **Zuordnung zum Studiengang/Schwerpunkt (Major- nur im Masterstudiengang)**

Masterstudiengang Biologie

### **Verwendung des Moduls in anderen Studiengängen**

nein

### **Stellenwert der Note für die Endnote**

Die Note fließt entsprechend der Leistungspunkte (CP) prozentual in die Gesamtnote ein.

### **Unterrichtssprache**

Deutsch (Englisch auf Wunsch)

### **Sonstige Informationen**

Die Anmeldung erfolgt dezentral. Das Modul findet am Forschungszentrum Jülich statt; i.d.R. verkehrt ein Shuttlebus zwischen der HHU Düsseldorf und dem Forschungszentrum Jülich.

### **Literatur**

- Publikationen zu den Themenbereichen
- Rupp: Biomolecular Crystallography
- Giacovazzo: Fundamentals of Crystallography
- Cantor & Schimmel: Biophysical Chemistry: Part II: Techniques for the Study of Biological Structure and Function: Pt. 2, 687-792