

# Inhalt

## Vorwort VII

## Einleitung 1

## Experimente

1. Analyse von Gesamtzelllysaten durch zweidimensionale Gelelektrophorese und MALDI-Massenspektrometrie 11
2. Reinigung von Proteinkomplexen für die Massenspektrometrie 33
3. Qualitative und quantitative Analyse von Peptiden durch MALDI-TOF/TOF-Massenspektrometrie 51
4. Analyse von Proteinkomplexen 63
5. Analyse von Phosphopeptiden mit IMAC und Massenspektrometrie 77
6. Multidimensionale Proteinidentifizierungstechnologie (MudPIT) für Gesamtzelllysate 87
7. Quantitative Massenspektrometrie von Gesamtzellextrakten (iTRAQ) 95
8. Analyse und Validierung von Tandemmassenspektren 107
9. Hochdurchsatzklonierung von ORFs 141
10. Herstellung von Proteinmicroarrays 151
11. Einsatz von NAPPA für die Identifizierung von Protein-Protein-Wechselwirkungen 173

## Anhänge

1. Setup und Demonstration einer Nanoelektrosprayionisierungs-(NanoESI-)Quelle und der Tandemmassenspektrometrie (MS/MS) 179
2. Proteinspaltung in Lösungen 185
3. Spaltung von fraktionierten Proteinen im Gel 189
4. Fällung von Proteinen mit Trichloressigsäure (TCA) 193
5. Monoisotopische und Immoniumionenmassen von Aminosäuren 195

## **VI Inhalt**

- 6. Dipeptidmassen von Aminosäuren 197
- 7. LTQ-Gerätemethoden 199
- 8. Offline-Entsalzung von Peptidgemischen 207
- 9. Herstellung kompetenter Zellen 211
- 10. Quantifizierung von DNA 213
- 11. Sicherheitshinweise 215

Index 223

Farbtafel 121