| Modultitel                           | Kristallstrukturanalyse   |  |  |  |  |
|--------------------------------------|---|--|--|--|--|
|                                      | Crystal Structure Analysis  |  |  |  |  |
| Modulnummer/-kürzel                  | CHE 127   |  |  |  |  |
| Verwendbarkeit                       | M.Sc. Chemie: Wahlpflichtmodul  |  |  |  |  |
|                                      | M.Sc. Lebensmittelchemie: Wahlpflichtmodul  |  |  |  |  |
| Voraussetzungen für die<br>Teilnahme | Verbindlich: keine  |  |  |  |  |
|                                      | Empfohlen: Veranstaltungen zum Thema Festkörper- und Strukturchemie sowie Symmetrie   |  |  |  |  |
| Modulverantwortliche(r)              | Dr. F. Hoffmann   |  |  |  |  |
| Sprache                              | Deutsch oder Englisch, i.d.R. Deutsch   |  |  |  |  |
| Qualifikationsziele                  | Die Studierenden sollten nach Abschluss des Moduls alle Vorgänge, die beim<br>Durchgang von Röntgenstrahlung durch kristalline Materie passieren,<br>verstanden haben und in der Lage sein, diese zu skizzieren.  |  |  |  |  |
|                                      | Die Studierenden sollten nach Abschluss des Moduls die Gesamtheit der<br>Merkmale eines Beugungsmusters erklären können.  |  |  |  |  |
|                                      | Die Studierenden sollten nach Abschluss des Moduls die wesentlichen<br>Unterschiede beim experimentellen Aufbau und den experimentellen<br>Anforderungen hinsichtlich der Strukturaufklärung von Kleinmolekülen und<br>biologischen Makromolekülen vergleichend erklären können.  |  |  |  |  |
|                                      | Die Studierenden sollten nach Abschluss des Moduls ebenso die Limitationen und Möglichkeiten der Struktur-Funktions-Analyse von Biomakromolekülen unter Nutzung moderner Synchrotrone und freier Elektronenlaser benennen und erklären können.  |  |  |  |  |
|                                      | Die Studierenden sollten nach Abschluss des Moduls in der Lage sein, die<br>Programme zur Auswertung von Einkristalldatensätzen von kleinen<br>Molekülen und Biomakromolekülen zu bedienen und die Güte der selbständig<br>verfeinerten Strukturmodelle zu beurteilen.  |  |  |  |  |
| Inhalt                               | Entdeckung und Natur der Röntgenstrahlung (W.C. Röntgen), erstes Röntgenbeugungsexperiment an Kristallen durch Max v. Laue, Erzeugung von Röntgenstrahlen durch Röntgenröhren, Synchrotronquellen, Spektrum einer Röntgenröhre, Monochromatisierung von Röntgenstrahlen, Entstehung von Beugungsbildern (Streuung und Interferenz), Braggsches Gesetz und Miller-Indizes, reales und reziprokes Gitter, Symmetrie des Beugungsmusters, Laueklassen, Friedelsches Gesetz, Ewald-Kugel, Intensität von Röntgenreflexen, Atomformfaktor, Temperaturfaktor, Fehlordnungen, Strukturamplitude und -faktor, Eulersche Formel, vom Beugungsbild zur Kristallstruktur, Raumgruppenbestimmung, systematische Auslöschungen, Fouriertransformationen, Phasenproblem, Patterson-Methode, direkte Methoden, Charge-Flipping-Algorithmus, Aufbau und Funktion von Biomakromolekülen, Methoden zur Erzeugung von Proteinkristallen, Phasierungsmethoden zur Lösung des Phasenproblems bei Biomakromolekülen, Iterativer Modellbau und Strukturverfeinerung. |  |  |  |  |

|   | Praktischer Umgang mit den Programmen ShelXTL, WinGX, Phenix, Coot und Pymol.   |      |         |         |          |  |
|---|---|------|---------|---------|----------|--|
| Lehrveranstaltungen   | a) Kristallstrukturanalyse   Crystal Structure Analysis (V)   |      |         |         | 1SWS     |  |
| und Lehrformen  | b) Praktische Übungen zur Kristallstrukturanalyse   Practical   |      |         |         |          |  |
|   | Excercises of Crystal Structure Analysis (Ü)  |      |         |         | 2 SWS    |  |
|   | c) Kristallstrukturanalyse von Proteinen   Crystal Structure Analysis of Proteins (V)   |      |         |         | 0.5 SWS  |  |
|   | d) Praktische Übungen zur Strukturanalyse von Proteinen   |      |         |         |          |  |
|   | Practical Excercises of Crystal Structure Analysis of Proteins (Ü)  |      |         |         | 0.5 SWS  |  |
| Arbeitsaufwand<br>(Teilleistungen und<br>insgesamt)                                   |   | LP   | P (Std) | S (Std) | PV (Std) |  |
|   | a) Kristallstrukturanalyse  | 1,5  | 14      | 21      | 20       |  |
|   | b) Praktische Übungen zur<br>Kristallstrukturanalyse  | 3    | 28      | 28      | 25       |  |
|   | c) Kristallstrukturanalyse von Proteinen  | 0.75 | 7       | 10      | 5        |  |
|   | d) Praktische Übungen zur   | 0.75 | 7       | 10      | 5        |  |
|   | Strukturanalyse von Proteinen   |      |         |         |          |  |
|   | Gesamtaufwand   | 6    | 56      | 69      | 55       |  |
| Voraussetzungen für<br>Teilnahme an und Art<br>der Studien- und<br>Prüfungsleistungen | Voraussetzungen zur Modulprüfung: keine<br>Art der Modulprüfung: i.d.R. mündliche Prüfung, abweichend Klausur<br>(benotet)<br>Prüfungssprache: i.d.R. Deutsch |      |         |         |          |  |
| Dauer   | 1 Semester  |      |         |         |          |  |
| Häufigkeit des Angebots   | Jährlich im Sommersemester  |      |         |         |          |  |
| Literatur   | W. Borchardt-Ott, "Crystallography", Springer, 3rd Edition, <b>2012</b>   |      |         |         |          |  |
|   | F. Hoffmann, "Introduction to Crystallography", Springer Nature, 1st Edition, <b>2020</b>   |      |         |         |          |  |
|   | W. Massa, "Kristallstrukturbestimmung", Springer Spektrum, 8. Aufl., <b>2016</b>  |      |         |         |          |  |
|   | Li-Ling Ooi, "Principles of X-ray Crystallography", Oxford University Press, 1st Edition, <b>2010</b>   |      |         |         |          |  |
|   | W. Clegg, "Crystal Structure Determination", Oxford University Press, 2nd Edition, <b>2015</b>  |      |         |         |          |  |
|   | B. Rupp, "Biomolecular Crystallography", Garland Science, 1st Edition, <b>2009</b>  |      |         |         |          |  |