



## • Bruker Anwendertreffen 2019

**Montag, 18.02.2018**

13:00 Uhr	<b>Begrüßung</b> Dr. Arnd Ingendoh, Bruker Daltonik GmbH, Bremen	P2 + P3
13:15 Uhr	<b>Molekulare Stratigraphie im µm-Maßstab im Sediment des Santa Barbara Beckens</b> Susanne Alfken, Universität Bremen, MARUM - Zentrum für Marine Umweltwissenschaften	P2 + P3
13:45 Uhr	<b>Reproduzierbarkeit von MALDI Imaging für die klinische Forschung – Ergebnisse eines Ringversuchs</b> Dr. Sören Deininger, Bruker Daltonik GmbH, Bremen	P2 + P3
14:15 Uhr	<b>Analysis of clinical samples with the Evosep One and timsTOF PRO</b> Dr. Roman Fischer, Oxford University, Discovery Proteomics Facility, United Kingdom	P2 + P3
14:45 Uhr	<b>Kaffeepause / Meet the experts</b> (Stellen Sie Ihre Fragen an unsere Applikation und Service) Ion traps, Q-TOFs, MALDI-TOF, LC/GC-TO, FTMS, Service, ESI Appl. Support	Foyer
16:00 Uhr	<b>Aufteilung in parallele Sessions:</b> <b>A) Screening und Quantifizierung</b> <b>Quantitative Analyse der Substituentenverteilungen von Polysaccharid-Derivaten mittels ESI-MS</b> Sarah Schleicher, TU Braunschweig, Institut für Lebensmittelchemie <b>Drogen im Straßenverkehr - §24a: ein Schuss ein Treffer?!</b> Dr. Lena-Maria Mehling, LKA Hannover <b>Quantifizierung von Gabapentin und Cetirizin in Celllysaten mittels LC-TO-MS</b> Lukas Schlatt, Westfälische Wilhelms Universität Münster, Institut für Anorganische und Analytische Chemie <b>„Haare raufen, Zähne zeigen – Drogenscreening in alternativen Matrices“</b> Laura Huppertz, Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, Institut für Rechtsmedizin	P5

**Montag, 18.02.2019**

- 16:00 Uhr **B) Strukturaufklärung und Identifizierung** P6
- MALDI-TOF-MS und MALDI-TOF Imaging MS zur Identifikation und Klassifizierung von Pollen**  
Dr. Steffen Weidner, Bundesanstalt für Materialforschung und-prüfung (BAM)
- MS-basierte Identifikation von Intermediaten in der modifizierten Biosynthese reduzierter Polyketide**  
Prof. Dr. Frank Schulz, Ruhr - Universität Bochum, Organische Chemie
- Strukturaufklärung des neuen Fibupeptides Lugdunin mittels HR LC-MS**  
Sebastian Wirtz, Eberhard Karls Universität Tübingen, Organische Chemie
- Schnelle Trennung und Identifizierung elektrochemisch generierter Metabolisomere mittels TIMS-qTOF-MS**  
Jens Fangmeyer, Westfälische Wilhelms Universität Münster, Institut für Anorganische und Analytische Chemie
- First cyanobacterial inhibitor of the shikimate pathway: Structure and target identification**  
Dr. Klaus Brilisauer, Eberhard Karls Universität Tübingen, Organische Chemie
- 16:00 Uhr **C) Omics** P16 + P17
- MS/MS similarity metabolite profiling in MetaboScape: Detection of novel defense-related metabolites in potato**  
Dr. Karin Gorzolka, Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle (IPB)
- Signalverhalten aromatischer Stickstoffbasen in der Massenspektrometrie nach Ionisation bei Atmosphärendruck**  
Dr. Andreas Kiontke, Universität Leipzig, Institut für Analytische Chemie
- Functional assays, proteomics and imaging: mass spectrometry in an interdisciplinary research environment**  
Dr. Julian Langer, MPI für Biophysik Frankfurt
- Quantifizierung der Lysin-Produktion weniger Zellen mittels FT-ICR-MS**  
Martin Lohse, Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung GmbH, UFZ Leipzig
- Sanfte LC-TOF-MS Techniken zur Untersuchung schwacher Metallorganyl-Protein-Addukte**  
Jonas M. Will, Westfälische Wilhelms Universität Münster, Institut für Anorganische und Analytische Chemie
- 19.30 Uhr **Gemeinsames Abendessen**  
pentalounge

## Dienstag, 19.02.2019

09:15 Uhr	<b>Cloud computing for real-time database search of large datasets measured with timsTOF Pro</b> Dr. Dirk Benndorf, Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Institut für Verfahrenstechnik	P2 + P3
09:45 Uhr	<b>Taking Science to the max – the new SCIMAX</b> Dr. Matthias Witt, Bruker Daltonik GmbH, Bremen	P2 + P3
10:15 Uhr	<b>Determination of gas phase structures with TIMS: porphyrin oligomers and reaction intermediates</b> Dr. Patrik Weis, Institut für Physikalische Chemie, Karlsruher Institut für Technologie	P2 + P3
10:45 Uhr	<b>Kaffeepause</b>	Foyer
11:15 Uhr	<b>MS-basierte Methoden für die Entdeckung neuer Naturstoffe aus Myxobakterien</b> Dr. Daniel Krug und Chantal Bader, Helmholtz-Institut für Pharmazeutische Forschung Saarland	P2 + P3
11:45 Uhr	<b>Vorteile der Ionenmobilitäts-Massenspektrometrie mit TIMS und PASEF in der Proteomik</b> Dr. Scarlet Koch, Bruker Daltonik GmbH, Bremen	P2 + P3
12:30 Uhr	<b>Gemeinsame Abschlussdiskussion</b>	P2 + P3
13:00 Uhr	<b>Wir wünschen Ihnen eine gute Heimfahrt!</b>	