

MSCORESYS STATUSTREFFEN 2023

MASSENSPEKTROMETRIE FÜR DIE SYSTEMMEDIZIN



Massenspektrometrie in der Systemmedizin – MSCoreSys Jahrestreffen der Forschungsbünde CLINSPECT-M, DIASyM, MSTARs und SMART-CARE

Das MSCoreSys-Statustreffen für das Jahr 2023 fand am 13. und 14. November in Freising mit mehr als 100 Wissenschaftlern vor Ort statt. Die Mitglieder der vier Forschungszentren aus Berlin, Mainz, München und Heidelberg präsentierten bahnbrechende wissenschaftliche Ergebnisse und förderten die Zusammenarbeit im Bereich der Massenspektrometrie und Systemmedizin. Die Veranstaltung brachte Experten aus verschiedenen Disziplinen zusammen und bot eine Plattform für den Wissensaustausch, Networking und die Diskussion von translationale Highlights.

Gastgeber Professor Bernhard Küster eröffnete die Konferenz. Die wissenschaftlichen Sitzungen begannen mit Vorträgen unter dem Motto „Scientific Achievements and Translational Highlights“ mit Präsentationen von Frederick Klauschen, Markus Ralser, Fabian Coscia und Vadim Demichev von MSTARs Berlin sowie von Stefan Tenzer, Andreas Hildebrandt, Laura Bindila und Elisa Araldi vom DIASyM Mainz.

In der CLINSPECT-M-Sitzung präsentierte Matthias Mann technologische Fortschritte in der MS-basierten Proteomik, während Alexander Bern-

hardt den Klassifizierungsansatz von Proteinbiomarkern bei neurologischen Erkrankungen und die Notwendigkeit einer klinischen Umsetzung diskutierte. SMART-CARE leistete einen wichtigen Beitrag mit einer Präsentation über das Datenmanagement-Backbone SMART-LDR mit Einblicken von Jeroen Krijgsveld, Matthias Ganzinger, Dario Frey, Junyan Lu und Christina Schmidt.

Die Konferenz wurde mit parallelen Treffen fortgesetzt, darunter einem wissenschaftlichen Speed-Dating und der Wahl des neuen PostDoc- und PhD-Vertreters.

AUSTAUSCH IM KONSORTIUM

Gleichzeitig trafen sich Mitglieder des Projektausschusses, um die Zukunft des Konsortiums, Maßnahmen des vergangenen Jahres, Aktualisierungen der Ring Trials in den Bereichen Proteomik, Bioinformatik und Metabolomik sowie erforderliche Bemühungen zur Erhöhung der Sichtbarkeit des Konsortiums zu besprechen. Der Tag endete mit einer kulinarischen Postersession, bei der 40 Poster präsentiert wurden.

Der zweite Tag begann mit parallelen Diskussionen in drei Task Forces, die ver-



Deutsche Gesellschaft für
Proteomforschung e.V.

TERMINE

10.–13. März 2024, Freising
55. Tagung der Deutschen Gesellschaft für Massenspektrometrie

28. Juli – 3. August 2024, Brixen (I)
Brixen Proteomics Summerschool

20.–24. Oktober 2024, Dresden
23rd Human Proteome Organisation World Congress

schiedene Aspekte des Konsortiums untersuchten. Die Clinical Translation Task Force wurde von Philipp Wild geleitet und beinhaltete eine Diskussion über die Machbarkeit der Verwendung desselben Probenmaterials für verschiedene Messungen, einschließlich Proteom, Lipidom und Metabolom. Laura Bindila leitete die Metabolomics/Lipidomics Task Force, die Diskussionen über Studiendesign und methodische Umsetzung ermöglichte. Die Imaging Task Force unter dem Vorsitz von Oliver Klein überprüfte Protokolle zur Datenerfassung und Messparameter.

Die letzte wissenschaftliche Sitzung behandelte wichtige Themen, darunter die „Technology Readiness“ präsentiert von Jeroen Krijgsveld, den Akkreditierungspfad eines klinischen Tests präsentiert von Daniel Teupser und Katharina Habler sowie Einblicke in vielversprechende klinische MSCoreSys-Studien präsentiert von Bernhard Küster.

Das Treffen ebnete den Weg für zukünftige Fortschritte in der Massenspektrometrie und Systemmedizin sowie für die weitere Zusammenarbeit und Entdeckung auf diesem Gebiet.

Sofia Battaglia,
Technische Universität München,
Proteomics und Bioanalytics, Freising