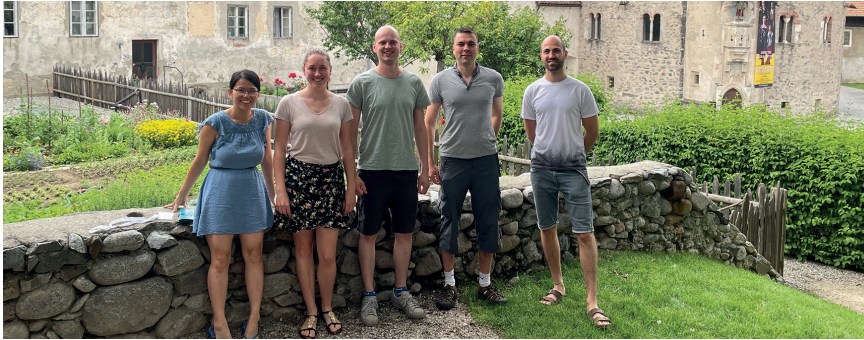


KARRIEREWEG MSCORESYS

MASSENSPEKTROMETRIE IN DER SYSTEMMEDIZIN



Die Arbeitsgruppe von Vadim Demichev (MSTARS Berlin)

Zur Stärkung des sich 2019 formierten MSCoreSys-Konsortiums haben die lokalen Forschungskerne in Berlin, Heidelberg, Mainz und München exzellente Nachwuchsgruppen rekrutiert, die die lokalen Expertisen mit ihren innovativen Ansätzen gewinnbringend ergänzen. Durch die enge Vernetzung der Kerne profitiert das gesamte Konsortium von den neuartigen Methoden und Projektideen der Nachwuchsgruppen. So kommt das Konsortium dem übergeordneten Ziel näher, die Massenspektrometrie für die Systemmedizin nutzbar zu machen und langfristig im Rahmen von Therapieentscheidungen unterschiedlichster Erkrankungen maßgeblich zu unterstützen. In dieser Ausgabe stellen sich die Gruppen aus Berlin und Mainz vor. Heidelberg und München präsentierten sich in |transkript 2/2023.

MSTARS BERLIN

Als Teil des Berliner Forschungskerns MSTARS arbeitet die Nachwuchsgruppe um Dr. Fabian Coscia am Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin in Berlin an hochinnovativen Massenspektrometrie-basierten Verfahren, um bislang noch nie dagewesene Einblicke in das Krankheitsgeschehen solider Tumorerkrankungen zu erhalten. „Wir wissen schon seit einiger Zeit, dass die räumliche Organisation der sich im Tumorgewebe befindlichen Zellen

eine wichtige Rolle für das molekulare Verständnis der Erkrankung spielt“, so Coscia. „Bisher war es allerdings nicht möglich, diese Informationen mit tiefen Proteom-Messungen zu kombinieren, um so räumlich aufgelöste Proteinlandkarten zu erstellen.“ Das junge Team erhofft sich, durch diese Kombination und interdisziplinäre Kollaborationen unter anderem neue therapeutische Angriffspunkte zu finden, zum Beispiel für zielgerichtete Krebs-Immuntherapien.

Das Labor von Dr. Vadim Demichev (Charité – Universitätsmedizin Berlin) entwickelt hochsensitive Proteomik-Technologien zur tiefgehenden Charakterisierung von klinischen Proben. „Die Proteomik hat in letzter Zeit eine mehr als zehnfache Steigerung in Durchsatz und Sensitivität erfahren und wir können nun Proteomanalysen von Patientenproben im großen Maßstab durchführen“, sagt Vadim Demichev. In Zusammenarbeit mit den Laboren Coscia, Kirwan, Ralsler, Selbach und Tinhofer-Keilholz des MSCoreSys-Forschungskerns in Berlin werden die neuen Methoden auf die Multi-Omics-Analyse von Krebspatientenproben mit dem Ziel angewendet, die optimale Therapiewahl durch maschinelles Lernen zu unterstützen.

DIASYM MAINZ

Ziel des Mainzer Kerns ist die detaillierte Charakterisierung großer Kohorten auf



TERMIN

5. Oktober 2023, online

EuPA – European Early Career
Researchers in Proteomics

<https://eupa.org>

unterschiedlichen molekularen Ebenen. In diesem Rahmen wird die Nachwuchsgruppe Metabolomik aufgebaut. Dr. Thierry Schmidlin, seit kurzem Gruppenleiter, sieht die Nachwuchsgruppe als ideale Ergänzung zu den bereits etablierten Gruppen für Proteomik und Lipidomik. „Unser Fokus liegt auf der Entwicklung von automatisierten Protokollen zur Probenvorbereitung für Plasma in Kombination mit schnellen und robusten LC-MS-Messmethoden. Dies wird uns das schnelle Phänotypisieren von großen Kohorten ermöglichen.“

Die Nachwuchsgruppe unter Leitung von Dr. Elisa Araldi entwickelt und implementiert neue datenbasierte und mechanistische Ansätze, um Herzinsuffizienz mithilfe von Multi-Omics-Studien im DIASyM-Forschungskern zu erforschen. „Sowohl die Fülle an Daten, die in der hochgradig charakterisierten MyoVasc Herzinsuffizienz-Kohorte hier an der Universitätsmedizin Mainz gesammelt wurden als auch die Zusammenarbeit mit anderen Gruppen im DIASyM-Verbund, die uns qualitativ exzellente Forschung ermöglichen, versetzt uns in eine ganz einzigartige Lage. Basierend auf den Multi-Omics-Daten, die aus dem Plasma von Individuen dieser Studie gewonnen werden, bieten uns die Möglichkeit, wichtige Erkenntnisse über Herzinsuffizienz, Behandlungsmethoden und die molekularen Mechanismen, die zum Ausbruch und dem weiteren Krankheitsverlauf beitragen, zu gewinnen“, so Araldi. (www.mscoresys.de)