138 I VERBÄNDE. | transkript 2.2023

MSCORESYS-KONSORTIUM

## MASSENSPEKTROMETRIE IN DER SYSTEMMEDIZIN



Die Gruppe Wilhelm von CLINSPECT-M München

Zur Stärkung des sich 2019 formierten MSCoreSys-Konsortiums haben die lokalen Forschungskerne in Berlin, Heidelberg, Mainz und München exzellente Nachwuchsgruppen rekrutiert, die mit ihren innovativen Ansätzen die Expertisen der lokalen Kerne gewinnbringend ergänzen. Durch die enge Vernetzung der Kerne untereinander 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 Therapieentscheidungen unterschiedlichster Erkrankungen maßgeblich zu unterstützen. In dieser Ausgabe stellen sich die Nachwuchsgruppen aus Heidelberg und München vor, Berlin und Mainz folgen in | transkript 3/2023.

## **SMART-CARE HEIDELBERG**

Das Wiederauftreten von Tumoren ist eine der Hauptursachen für krebsbedingte Todesfälle. Das SMART-CARE-Konsortium will Krebsrückfälle mit Hilfe der Massenspektrometrie-Technologie überwinden. "SMART-CARE bietet die spannende Möglichkeit, Tumorrezidive mit hochwertigen massenspektrometrischen Daten zu untersuchen", so Dr. Junyan Lu. "Aufgrund der dynamischen Häufigkeit von Proteinen und Metaboliten können Messungen leicht durch

technische und biologische Quellen durch Verzerrungen und Rauschen beeinträchtigt werden, was das Identifizieren von Biomarkern erschwert." Die 2021 gegründete Nachwuchsgruppe von Dr. Lu kombiniert moderne Ansätze des maschinellen Lernens mit der Multi-Omics-Integration, um robuste Biomarker in komplexen Massenspektrometriedaten zu finden.

## **CLINSPECT-M MÜNCHEN**

An der Tenure-Track-Professur für Computational Mass Spectrometry von Prof. Dr. Mathias Wilhelm werden innovative bioinformatische Plattformen und Werkzeuge entwickelt, mit denen massenspektrometrische Daten besser verstanden und Erkenntnisse daraus für Forschung und Klinik langfristig nutzbar gemacht werden können. "Besonders die Analyse von proteomischen Profilen von Patienten erfordert zur Diagnose und Prognose von Krankheiten, eines der Ziele des MSCoreSys-Netzwerkes, dass die erzeugten Daten so umfassend und gleichzeitig fehlerfrei wie möglich analysiert werden", betont Wilhelm. Hierfür verwendet seine Gruppe unter anderem maschinelles Lernen, mit dem Daten um Größenordnungen genauer und präziser analysiert werden können.

Als Teil des CLINSPECT-M Konsortiums ist das Team von Dr. Chien-Yun Lee (TU München) entschlossen, die



## **TERMIN**

11. bis 16. Juni, Heidelberg
EMBO Practical Course - Quantitative proteomics: strategies and tools to probe biology
https://www.embl.org

Geheimnisse von neuronalen Erkrankungen aufzudecken, indem es die oft übersehenen Komponenten von Proteomen – endogene Peptide und posttranslationale Modifikationen von Proteinen untersucht. "Diese Komponenten sind entscheidend für das Verständnis des Krankheitsverlaufs", erklärt Lee,"und wir entwickeln elegante Werkzeuge und Arbeitsabläufe, die es uns ermöglichen werden, neuartige Biomarker für eine bessere Diagnose und Behandlung zu identifizieren." Mit interdisziplinärer Zusammenarbeit und robusten Proteomik-Technologien gehen sie die komplexen Herausforderungen an und hoffen, das Leben von Patienen mit neuronalen Erkrankungen zu verbessern.

Christiane Gasperi möchte gemeinsam mit ihrer CLINSPECT-M-Nachwuchsgruppe "Biomedizinische Informatik in den Systemneurowissenschaften" Möglichkeiten für eine frühe Vorhersage des Krankheitsverlaufs der Multiplen Sklerose identifizieren, um Therapieentscheidungen zu steuern. Dazu integrieren und analysieren sie und ihr Team Multi-Omics- Datensätze, die genetische, epigenetische und proteomische Daten, sowie Versorgungsdaten umfassen. "Es ist sehr bereichernd und herausfordernd zugleich, eine eigene Arbeitsgruppe zu leiten und sich gemeinsam mit den Mitarbeitenden wissenschaftlich weiterzuentwickeln", sagt Gasperi und freut sich auf die weitere Arbeit an vielen spannenden Projekten.