isas Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften

JAHRES BERICHT 2020

advancing analytics

Leibniz Gemeinschaft

VORWORT

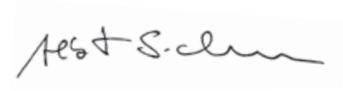
Liebe Leserinnen & Leser

Das Jahr 2020 bleibt unserem Institut nicht nur wegen der Pandemie in Erinnerung. Vielmehr brachte es positive Neuerungen, sodass wir auf ein abwechslungsreiches Jahr zurückblicken. 2020 haben wir den Ausbau der präklinischen Forschung weiter vorangetrieben und sind neue Kooperationen mit Kliniken, Universitäten und Partnern aus der Industrie eingegangen. Wir sind hoch erfreut, dass wir mit der Universität Duisburg-Essen Prof. Dr. Anika Grüneboom als Expertin für neuartige bildgebende Verfahren zur Professorin berufen konnten. Zwei Juniorprofessuren hat das ISAS zum Jahresende gemeinsam mit der Universität Bielefeld (mehrdimensionale Omics-Analysen) und der Universität Duisburg-Essen (Lipidomics) ausgeschrieben. Für weitere Zusammenarbeiten mit Hochschulen aus der Region und neue Arbeits- bzw. Nachwuchsgruppen hat das Institut 2020 die Weichen gestellt.

Trotz Reiseeinschränkungen konnten wir vergangenes Jahr neue Mitarbeiter:innen – auch aus dem Ausland – bei uns willkommen heißen. Darunter ERC-Grantee Dr. habil. Milos Filipović. Ich freue mich sehr, dass wir mit ihm einen hochkarätigen Wissenschaftler für unsere Abteilung Translationale Forschung gewinnen konnten. Seine Arbeitsgruppe Sulfaging forscht zur Stoffwechselbiochemie und liefert wichtige Erkenntnisse, um künftig etwa altersbedingte Erkrankungen besser diagnostizieren und therapieren zu können. Seine Expertise passt hervorragend zu unserem Profil.

Inzwischen arbeiten am ISAS Kolleg:innen aus 20 verschiedenen Nationen. Sie bilden das Herz unserer Forschungseinrichtung und verfolgen als Chemiker:innen, Biolog:innen, Pharmakolog:innen, Physiker:innen und Informatiker:innen gemeinsam ein Ziel: Sie entwickeln und optimieren neue und wirtschaftliche Analyseverfahren für die Gesundheitsforschung. Gemeinsam wollen wir so die Prävention, Frühdiagnose und Therapie verschiedener Erkrankungen verbessern. Einige unserer Forschungsprojekte und Mitarbeiter:innen stellen wir Ihnen auf den folgenden Seiten vor. Dabei möchten wir Ihnen nicht nur unsere Ergebnisse präsentieren, sondern auch einen Einblick geben, wie viele von uns am Institut die turbulenten Zeiten zwischen Forschung und beispielsweise Homeschooling erlebt haben.

Ich wünsche Ihnen eine angenehme Lektüre. Bleiben Sie gesund!



Prof. Dr. Albert Sickmann

INHALT

COVID-19

LUNCH BREAK vermittelt Fakten 04

„Unser Wunsch nach übertriebener Sicherheit ist in einer Pandemie irrational“ 08

Frühe Phasen von Pandemie: Virenmikroskop soll schnellen Überblick ermöglichen 12

Wie das ISAS mobil arbeitet 15

Virtueller Austausch bringt Nachwuchswissenschaftler:innen praktisches Wissen 18

KRANKHEITSMECHANISMEN & TARGETS

Programm-Porträt 2020 22

Mit molekularen Werkzeugen auf der Suche nach Proteasen 25

Software LipidCreator unterstützt die Diagnose & Prognose von Krankheiten 27

Molekulare ‚Schalter‘ für Herzinfarkte umlegen 28

Physikerin Elen Tolstik forscht fürs Herz 30

Wirkung von Schilddrüsenhormonen in Gehirn, Leber & Herz entschlüsseln 31

Molekulare Phänotypisierung der Maus – MS-Assays ersetzen erfolgreich bisherige Immunassays 32

Eiweißsequenz liefert Erkenntnisse für die Therapie von Herzschwäche & Krebs 34

PERSONALIE

ISAS & UDE berufen Anika Grüneboom zur Professorin 35

ERC-Preisträger Milos Filipović kommt ans ISAS 36

Gemeinsame Professur in der Bioinformatik ausgeschrieben 37

BIOMARKER

Programm-Porträt 2020 38

Bluttest gegen Arzneimittelallergien erhöht Patientensicherheit 40

Die Handschrift von neuromuskulären Erkrankungen entziffern: Verbesserte Diagnose durch Gen- & Proteinsignaturen 41

Gegen den Strom: Ein Weg zurück zur Grundlagenforschung 44

Optimierung der Anämie-Therapie für Patient:innen mit chronischer Nierenerkrankung 47

Doktorand:innen sind der Thrombo-Inflammation auf der Spur 48

NACHWUCHSFÖRDERUNG

„Ich möchte dabei helfen, den menschlichen Körper in einen Winterschlaf zu versetzen“ 50

PhD-Workshops: Aufstieg im Aufzug 52

Was passiert hier, Herr Dr. Brandt? 54

Adriana Schneider will die Proteom-analyse effizienter machen 56

Was ist deine Aufgabe als Praktikant, Christopher? 57

Praktikant:in bis Postdoc – frühe Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses 58

BIO-IMAGING

Programm-Porträt 2020 59

ISAS tritt INFECTIONS bei 62

BIOGRENZFLÄCHEN

Programm-Porträt 2020 63

UNSER JAHR IN ZAHLEN

Beschäftigte 66

Abschlüsse, Fördersummen 67

Publikationen, Impact-Faktor 68

Posterpräsentationen, Kolloquien 69

ORGANISATION

Organigramm 71

Gremien 72

AKTIVITÄTEN

Publikationen 75

Vorträge 84

Veranstaltungen 86

Drittmittelprojekte 89

Schutzrechte 92

Absolvent:innen 94

Stipendien 96

Auszeichnungen 96

ISAS-Mitgliedschaften in Fachverbänden 97

Fördermittelgeber 98

Impressum 99

COVID-19

LUNCH BREAK vermittelt Fakten

Während die Aussicht auf Corona-Impfstoffe bei der hohen Zahl an Infizierten im Dezember 2020 Zuversicht versprochen hat, wurden gleichzeitig skeptische Stimmen in der Bevölkerung und Ängste rund um die künftigen mRNA-Impfstoffe lauter.

Zwar waren in Deutschland bis dato keine humanen mRNA-Impfstoffe zugelassen. Aber für einige dieser therapeutischen Impfstoffe gegen Krebserkrankungen liefen bereits fortgeschrittene klinische Studien. Zeit für das ISAS, um mit Mythen rund um die Impfung gegen das Coronavirus aufzuräumen und Fakten zu vermitteln. Daher lud das Institut zum Jahresende die allgemeine Öffentlichkeit an zwei Tagen online zum DIGITAL LUNCH BREAK „Covid-19: auf dem Weg zur Impfung“ mit Prof. Dr. Matthias Gunzer ein.

60 Fragen in 197 Minuten

Das Interesse an beiden Veranstaltungen war groß – insgesamt nahmen rund dreihundert Personen, unter ihnen auch Studierende, am Austausch mit dem Immunologen teil. Gunzer stellte die Entwicklung und Funktionsweise der neuen Impfstoffe vor und warf einen kurzen Blick auf die Geschichte des Impfens, bevor er zahlreiche Fragen beantwortete. Darunter: Wie sicher ist die neue Corona-Impfung? Können die mRNA-Impfstoffe das Erbgut verändern? Birgt die Immunisierung ein gesundheit-

Beruf & Familie

Ich nutze die Möglichkeit, auch im Homeoffice und zu flexiblen Zeiten zu arbeiten, damit meine Frau und ich unsere Zweijährige trotz reduzierter Kita-Zeiten oder Ausfall der Kita betreuen können. Die Absprache zu Hause ist gut eingespielt, nach dem Mittagsschlaf unserer Tochter wechseln wir uns ab: Eine:r von uns arbeitet, eine:r kümmert sich um die Kleine. Zeit für ein gemeinsames Familienleben haben wir aktuell nur am Wochenende. Was ich in Zukunft gerne beibehalten möchte, sind virtuelle Meetings. Sie eignen sich für bestimmte Themen, sparen Zeit und sind häufig auch effizienter als Präsenztermine. Bis die Pandemie vorbei ist, wird es zwar noch etwas dauern. Worauf ich aber jetzt schon stolz bin, ist, wie gut unsere Tochter den veränderten Alltag mitmacht.

Dr. Julian Heitkötter, Referent für Wissens- und Informationsmanagement

liches Risiko? Bei beiden Veranstaltungen kamen mehr als 60 Fragen zusammen, die Gunzer fundiert und kurzweilig beantwortete. Insgesamt stand er den Teilnehmer:innen 197 Minuten lang Rede und Antwort. Sein Fazit: „Als Immunologe sehe ich mich in der Verantwortung, insbesondere in Zeiten wie diesen Aufklärungsarbeit zu leisten. Je mehr Informationen wir über das Coronavirus, Impfstoffe und Covid-19 vermitteln, desto besser ist jede:r Einzelne von uns in der Lage, eine fundierte Impf-Entscheidung zu treffen.“

WIRKUNGSWEISE mRNA-IMPFUNG

Bei der mRNA-Impfung erhält der Körper nur die genetischen Informationen, die seine eigenen Zellen benötigen, um ein Merkmal des Coronavirus – das Antigen – zu produzieren, das die gewünschte Immunantwort auslöst. Die mRNA-Impfstoffe von BioNTech/Pfizer und Moderna enthalten eine Bauanleitung für das Spike-Protein des Coronavirus in Form von Boten-Ribonukleinsäure (messengerRNA, mRNA) die in Fettkügelchen (Liposomen) verpackt ist. Die Spike-Proteine sind im Gegensatz zum gesamten Coronavirus für den menschlichen Körper ungefährlich. Mit dem Impfstoff gelangt die mRNA in die menschlichen Zellen. Der Körper stellt mithilfe der mRNA die Spike-Proteine her. Das Immunsystem registriert die Spike-Proteine als Fremdkörper und reagiert darauf, indem es unter anderem Antikörper und Abwehrzellen produziert. Sobald die Immunisierung abgeschlossen ist, schützt die Immunantwort vor einer Infektion mit dem echten Coronavirus, indem sie dessen Spike-Proteine wiedererkennt, inaktiviert und dadurch die Infektion verhindert.

MYTHOS GENMANIPULATION

Es gibt keinerlei wissenschaftliche Belege dafür, dass eine mRNA-Impfung die menschliche DNA verändern und damit in das menschliche Erbgut eingreifen kann. Eine Integration der RNA in DNA ist wegen der unterschiedlichen chemischen Struktur unmöglich. Außerdem bauen die menschlichen Zellen die mRNA binnen kurzer Zeit ab.

POTENZIELLE INFEKTION VERSUS NEBENWIRKUNGEN

Eine Impfung schützt nicht nur einzelne Geimpfte, sondern auch Säuglinge, Kinder oder Erwachsene, die sich aus gesundheitlichen Gründen nicht impfen lassen können. Sie ist ein unverzichtbares Instrument, um die Pandemie irgendwann vollständig zu überwinden. Covid-19 kann schwerwiegende Folgen haben, eine Reaktion auf die Impfung hingegen dauert in der Regel höchstens wenige Tage. Nebenwirkungen wie Müdigkeit, Kopfschmerzen oder grippeähnliche Symptome sind ein Zeichen dafür, dass das Immunsystem auf die Impfung reagiert und Antikörper sowie Abwehrzellen produziert werden.

(SR) ■

„Unser Wunsch nach übertriebener Sicherheit ist in einer Pandemie irrational“

Beim digitalen LUNCH BREAK im Dezember 2020 stand die Zulassung des ersten mRNA-Impfstoffs gegen SARS-CoV-2 in der EU kurz bevor. Die Skepsis gegenüber mRNA-Impfstoffen war groß. Ein halbes Jahr später ist von dieser anfänglichen Zurückhaltung in Deutschland wenig zu spüren, im Gegenteil. Wie es dazu kam und welchen Schutz Geimpfte erwarten können, darüber haben wir mit Prof. Dr. Matthias Gunzer im Interview gesprochen. Er ist Immunologe und wissenschaftlicher Direktor der Abteilung Biospektroskopie.

Viele Menschen halten die Präparate von BioNTech/Pfizer und Moderna vermeintlich für Impfstoffe erster Klasse. Was steckt Ihrer Ansicht nach hinter dieser Entwicklung?

Gunzer: Es ist schon faszinierend zu sehen, dass zuerst dieser neue mRNA-Impfstoff große Ängste ausgelöst hat. Viele Laien haben befürchtet, dass wir dadurch genetisch umprogrammiert werden. Doch dann haben mehrere Länder, allen voran Israel, alles auf den Impfstoff von BioNTech/Pfizer gesetzt. Die Impfkampagne ist dort problemlos verlaufen. Vielmehr noch, die Israelis konnten die Zulassungsstudie im Feld reproduzieren. Die Daten in Bezug auf Effizienz und Schutz sind fast deckungsgleich. Über diesen Erfolg haben auch die deutschen Medien berichtet, das Vertrauen der Bevölkerung in den mRNA-Impfstoff wuchs. Der Impfstoff von AstraZeneca hingegen hatte schon von Anfang an Schwierigkeiten. Die Zulassungsstudie verlief holprig, es gab mehrere Stopps. Kurze Zeit nach der Zulassung folgten Meldungen über schwere Nebenwirkungen. Und diese waren in den Medien so prominent, dass das Thema die gesamte Berichterstattung über den Impfstoff dominiert hat. Dadurch ist die an sich unglaublich hohe Effizienz dieses Impfstoffs völlig ins Hintertreffen geraten. Dass die mRNA-Impfstoffe bei vielen Menschen inzwischen beliebter sind als die Vektor-Impfstoffe, hat vermutlich auch damit zu tun, dass Berichte über schwere Nebenwirkungen für Erstere ausgeblieben sind.

Inzwischen kommen die vektorbasierten Impfstoffe wegen gemeldeter Fälle von Hirnvenenthrombosen regulär erst bei Personen ab 60 Jahren zum Einsatz. Gleichzeitig hat das Bundesgesundheitsministerium den Impfstoff von AstraZeneca auch für jüngere Erwachsene freigegeben. Wie bewerten Sie den Umgang mit diesem Impfstoff unter Berücksichtigung der aktuellen Datenlage?

Gunzer: Jeder einzelne im Zusammenhang mit dem Impfstoff gemeldete Fall von Hirnvenenthrombosen ist schrecklich und für die Betroffenen tragisch. Was wir in einer Pandemie jedoch keineswegs ignorieren dürfen, ist die gesamte Datenlage. Das Risiko für eine Hirnvenenthrombose nach der Impfung mit AstraZeneca ist äußerst gering. Weltweit sind mit diesem Impfstoff bis heute mehr als 33 Millionen Menschen geimpft und damit vor schweren Erkrankungsverläufen geschützt worden. Bis auf moderate Nebenwirkungen wie etwa Müdigkeit hatten sie keinerlei Probleme. Wir müssen das Ganze also in Relation sehen. Es gibt kein Medikament ohne Nebenwirkungen.

»Warum das immunologische Gedächtnis unterschiedlich ausfällt, einige Menschen einen längeren oder kürzeren Schutz vor einer erneuten Erkrankung haben, verstehen wir aus immunologischer Sicht noch nicht.«

Prof. Dr. Matthias Gunzer leitet am ISAS die Abteilung Biospektroskopie und ist Direktor des Instituts für Experimentelle Immunologie und Bildgebung / Imaging Center am Universitätsklinikum Essen.

Hierzulande haben die Impfungen, Stand Mitte Mai 2021, Fahrt aufgenommen. Allerdings kommen wir im Vergleich zu anderen Ländern schleppend voran. So waren beispielsweise in Israel bis zum 15. Mai 2021 ca. 59 Prozent der Bevölkerung vollständig immunisiert, in Deutschland bis zum 14. Mai 2021 nur rund elf Prozent. Was hat die deutsche Impfkampagne Ihrer Ansicht nach anfänglich gehemmt?

Gunzer: Der Wunsch nach übertriebener Sicherheit, den wir in unserer Gesellschaft in einer brenzligen Lage wie dieser Pandemie für einen Impfstoff an den Tag legen, ist irrational. Salopp gesprochen ist das etwa so, wie wenn ein Haus in Flammen steht, die Besitzer aber draußen erst noch mit der Feuerwehr diskutieren, ob das Löschwasser womöglich Flecken hinterlässt. Für

»Ich plädiere dafür, rational zu bleiben und nicht zu vergessen, in welcher Situation wir uns in Deutschland und weltweit vor kurzem befunden haben.«

die Impfstoffe gegen SARS-CoV-2 verlangen manche Menschen ein Sicherheitsniveau, das niemand in einer Pandemie erfüllen kann. Das Coronavirus kostet Menschenleben – da verlief und verläuft die Impfstoffentwicklung unter Hochdruck.

Welche Faktoren spielen eine Rolle dabei, wie lange Geimpfte gegen SARS-CoV-2 immun bleiben?

Gunzer: Als immunologische Antwort auf die Impfung oder Infektion entwickeln wir zwei Reaktionen. Zum einen produzieren wir Antikörper, die verhindern, dass uns das Virus überhaupt infizieren kann. Zum anderen reagiert unser Körper bei der zweiten Antwort mit Abwehrzellen, sogenannten zytotoxischen T-Zellen. Sie zerstören die Zellen, die trotz Antikörpern doch noch infiziert worden sind und den Nachschub an Viruspartikeln im Körper bilden. Jeder Mensch hat ein immunologisches Gedächtnis. Dahinter stecken sogenannte Gedächtnis-Zellen, die nach einer Infektion oder Impfung im Knochenmark und anderen Stellen im Körper übrigbleiben. Sie speichern alle Informationen über den abgewehrten Erreger und schützen so vor einer neuen Infektion. Warum das immunologische Gedächtnis von Mensch zu Mensch unterschiedlich ausfällt, einige einen längeren oder kürzeren

Beruf & Familie

Mein Mann und ich können uns beim Homeoffice abwechseln, da unsere Arbeitgeber beide darauf achten, dass nur wenige Mitarbeiter:innen in den Büros sind. Wir stimmen uns da untereinander ab, damit wir unsere Söhne zu Hause betreuen können. Meistens springt zurzeit einmal die Woche zusätzlich die geimpfte Oma ein. Vor der Pandemie habe ich vier Tage am ISAS gearbeitet, zurzeit sind es weniger, meist nur drei Tage. Das klappt ganz gut, weil ich beispielsweise Bestellungen oder Publikationen elektronisch erfassen kann. Dank sehr guter Internetleitung läuft das zu Hause reibungslos. Deswegen möchte ich nach der Pandemie zumindest einen Tag im Homeoffice beibehalten. Die 90 Minuten Fahrzeit und Staus, die ich so an einem Tag spare, kommen meiner Arbeit und Familie zugute. Die aktuell größte Herausforderung ist es, unsere sieben- und 15-jährigen Kinder bei schlechtem Wetter bei Laune zu halten. Außer Spazierengehen oder Radfahren sind kaum Unternehmungen möglich. Deswegen bin ich besonders stolz darauf, dass meine Söhne nach wie vor motiviert für die Schule arbeiten, trotz weniger Feedback der Lehrer:innen.“

Stefanie Güssgen,
Mitarbeiterin Technischer Service Bioanalytik

„Meine Tochter geht seit zwei Wochen in die Notbetreuung, damit ich ein paar Tage im Institut arbeiten kann. Vorher haben wir es mit mehr Homeoffice und mehr Homeschooling versucht. Das hat aber für uns nicht funktioniert. Momentan arbeite ich einen Tag in der Woche zu Hause und das klappt gut, sodass ich das gerne auch in Zukunft beibehalten möchte. Meine Tochter und ich haben bereits eine Coronavirus-Infektion überstanden und glücklicherweise sind inzwischen ein paar Personen in unserer Familie geimpft. Deswegen ist der Kontakt zu anderen Familienmitgliedern wieder enger geworden. Trotzdem fehlen uns andere soziale Kontakte, unsere Freund:innen und Freizeitaktivitäten. Wir haben uns zwar organisiert, aber gewöhnen kann ich mich an die Situation nicht! Meine größte Herausforderung ist es, trotz allem für meine Sechsjährige das Beste daraus zu machen. Alles in allem bin ich erleichtert und froh, dass ich trotz Pandemie weiterhin arbeiten kann und wir nicht von Kurzarbeit oder Arbeitslosigkeit betroffen sind.

Sonja Hinterthan,
Personalsachbearbeiterin

Schutz vor einer erneuten Erkrankung haben, verstehen wir aus immunologischer Sicht heute noch nicht.

Bei einigen Impfungen wie der Pockenimpfung reicht eine einmalige Immunisierung lebenslang. Und dann gibt es Impfungen, die nach mehreren Jahren eine Auffrischung brauchen. Für den Impfstoff von BioNTech/Pfizer gibt es Daten, die zeigen, dass sowohl der Antikörper- als auch der Schutz durch die zytotoxischen T-Zellen mehrere Monate nach der Impfung anhalten. Genaueres wissen wir nicht, weil wir Covid-19 bisher noch nicht über einen längeren Zeitraum hinweg erforschen konnten.

Welchen Impf-Mythos würden Sie aktuell gerne aus der Welt schaffen?

Gunzer: Der Impfstoff von AstraZeneca, der übrigens weitaus effektiver ist als die jährliche Grippeschutzimpfung, ist leider in Verruf geraten – mit Blick auf die Datenlage zu Unrecht. Ich plädiere dafür, rational zu bleiben und nicht zu vergessen, in welcher Situation wir uns in Deutschland und weltweit vor kurzem befunden haben. Dass wir inzwischen hierzulande mehrere zugelassene Impfstoffe gegen Covid-19 haben, ist eine bahnbrechende wissenschaftliche Leistung.

(SR) ■

Frühe Phasen von Pandemie: Virenmikroskop soll schnellen Überblick ermöglichen

Um während einer Pandemie viele Menschen gleichzeitig und vor allem schnell auf Viren testen zu können, bedarf es genauer Analysemethoden mit einem hohen Durchsatz. Forscher:innen am ISAS und an der TU Dortmund haben ein Virenmikroskop entwickelt, das unter Laborbedingungen genauso verlässlich, aber schneller und wirtschaftlicher war als konventionelle Antigen-Tests. Mit dem Gerät soll es in Zukunft idealerweise mit ein paar Tropfen Flüssigkeit wie Speichel möglich werden, herauszufinden, ob sich jemand mit einem Virus infiziert hat und wie hoch die Viruslast ist. Das Virenmikroskop kombiniert dafür drei wesentliche Bausteine: Es hat eine Goldoberfläche für immobilisierte Antikörper gegen die zu identifizierenden Viren. Um das Virensignal sichtbar zu machen, nutzt das Gerät eine modifizierte Oberflächenplasmonenresonanzspektroskopie (Surface Plasmon Resonance Spectroscopy, SPR-Spektroskopie). Für die Identifizierung der einzelnen Viren kommt künstliche Intelligenz zum Einsatz. Ziel ist es, das Virenmikroskop voll automatisierbar zu gestalten, sodass es mit einem niedrigen Wartungsaufwand und ohne Laborpersonal auskommt. Das Gerät ist in der jetzigen Entwicklungsphase bereits klein und mobil. Es ließe sich überall aufstellen. In Zukunft könnte es in der frühen Phase von Pandemien, bevor flächendeckende Tests zur Verfügung stehen, dabei helfen, an Bahnhöfen oder anderen neuralgischen Punkten schnell einen Überblick über das Infektionsgeschehen einzuholen. Dafür wollen die Dortmunder Wissenschaftler:innen das Virenmikroskop so weiterentwickeln, dass von der Probenabgabe bis zum Testergebnis künftig nur wenige Minuten vergehen.

(SR) ■

Arbeitsgruppe
Bioresponsive Materials
Dr. Roland Hergenröder
T: +49 (0)231 1392-178
E: roland.hergenroeder@isas.de

Beruf & Familie

Wir sind in der luxuriösen Situation, dass unser Sohn fast durchgehend in den Kindergarten durfte. Als Familie gehen wir sehr vorsichtig und zurückhaltend mit der aktuellen Situation um, auch damit unser Sohn einigermaßen guten Gewissens in den Kindergarten gehen kann. Meine Freundin ist seit Pandemiebeginn im Homeoffice und wir haben meine Schwiegereltern im Haus. Das hilft uns im Alltag. Für meine Tätigkeit kommt Homeoffice nicht infrage, mein Arbeitsplatz ist eng ans Labor geknüpft. Aber die flexiblen Arbeitszeiten geben mir die Freiheit, problemlos und spontan zu Hause einspringen zu können. Natürlich verlangt die Lage uns allen so einiges ab. In den Phasen, wo unser Sechsjähriger kaum Kontakt zu Gleichaltrigen hatte, konnte ich mich dank frühem Feierabend und Urlaubstagen intensiv um ihn kümmern. Wir Erwachsenen versuchen, uns gegenseitig zu stärken und auf unsere Resilienz zu achten, indem wir im Garten, über Sport und Videocalls mit Freund:innen oder bei Ausflügen in die Natur wieder Energie tanken.

Dipl. Ing. (FH) Hannes Raschke,
technischer Mitarbeiter Bioresponsive Materials

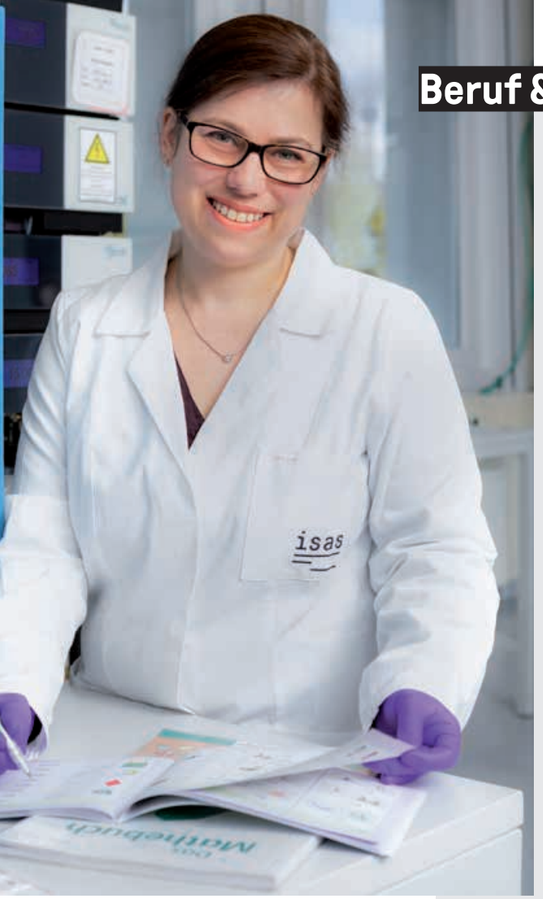
Beruf & Familie

Es ist schon herausfordernd, Job und Kinderbetreuung unter einen Hut zu bekommen. Mein Mann und ich arbeiten beide in Vollzeit und sind froh, wenn unsere Viereinhalbjährige zumindest ein paar Stunden täglich in die Kita gehen kann. Inzwischen haben wir meine Eltern und Schwiegereltern bei der Betreuung unserer Kleinen eingespannt. Sie springen ein, wenn wir arbeiten – egal ob im Büro oder Homeoffice. Zum Glück wohnt auch meine Schwester mit ihrer Familie im selben Haus, sodass mein Neffe und meine Tochter einander als Spielkamerad:in haben. Unsere Arbeitgeber haben beide lange vor der gesetzlichen Regelung Homeoffice angeboten.

Früher hätte ich nie gedacht, dass Homeoffice für mich funktionieren könnte. Aber ich wurde eines Besseren belehrt, weil die Zusammenarbeit in unserem Team auch digital sehr gut funktioniert. Wenn ich zu Hause bin, stehe ich sehr früh auf und nutze die Zeit zum Arbeiten, bevor meine Tochter wach wird. Zu Beginn der Pandemie saß ich mit meinem Laptop am Küchentisch, kurz darauf habe ich mir einen Schreibtisch zugelegt und einen richtigen Arbeitsplatz eingerichtet. Daran möchte ich auch nach der Pandemie festhalten.

Die größte Herausforderung für unser Familienleben ist aktuell die Monotonie. Uns fehlt einfach die Abwechslung und Freiheit, einen Ausflug in den Zoo unternehmen oder Freund:innen treffen zu können. Umso dankbarer bin ich für meine Familie und dafür, dass wir in solchen Zeiten alle gut zusammenhalten.

Dr. Christina Sengstock,
Referentin für Forschungsförderung



Beruf & Familie

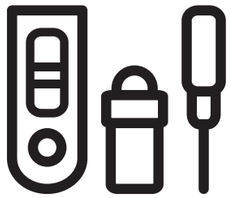
Die Pandemie erfordert ein hohes Maß an Kompromissen auf beiden Seiten. Ich verteile meine Arbeitszeit flexibler als früher und nehme teilweise die Notbetreuung der Schule in Anspruch, um im Labor meiner Arbeit nachzukommen. Trotzdem hole ich meinen Sohn und meine Tochter so früh wie möglich ab und versuche, den Rest des Tages mit ihnen Schulaufgaben zu erledigen und zu spielen. Meistens arbeite ich abends, wenn die Kinder im Bett sind, weiter. Wenn ich im Homeoffice bin und mein Zehnjähriger und meine Sechsjährige zu Hause lernen, erfordern meine Seminare und Besprechungen gegenseitige Rücksichtnahme. So müssen meine Kinder lernen, dass ich nicht immer ansprechbar sein kann, was für eine Erstklässlerin entsprechend schwierig ist. Meine Kolleg:innen und Vorgesetzten haben Verständnis, dass im Homeoffice eine andere Lautstärke herrscht, meine Konzentration anders ist und es vorkommt, dass ein Kind mit vor der Kamera sitzt.

Die größte Herausforderung ist aktuell die fehlende Zeit. Zusätzliche Zeit, die ich ohne Pandemie im Labor verbringen würde, und Zeit, in der ich zu Hause mit meinen Kindern keinen Spaß haben kann, weil das Distanzlernen uns alle fordert. Für die Zeit nach der Pandemie wünsche ich mir, dass ich die Flexibilität in puncto Arbeitszeit und -ort beibehalten kann – gerade, wenn es mit der Kinderbetreuung mal unerwartet eng wird. Ich bin stolz auf meine Kinder, die bisher glücklich und gesund durch diese einzigartige Zeit gekommen sind. Und ich bin sehr stolz auf meine Studierenden und meine technischen Assistent:innen, die auch telefonisch gerne Rücksprache halten und aus der Ferne angeleitet motiviert ihren Aufgaben nachgehen.

Dr. Yvonne Reinders, wissenschaftliche Mitarbeiterin Proteomics / Translationale Analytik

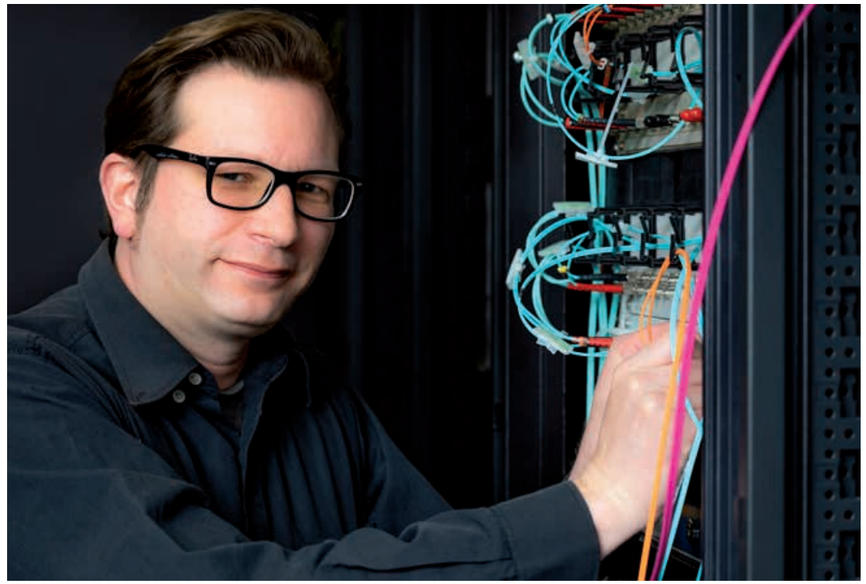
9.100

SARS-CoV-2 Antigen-Schnelltests
haben die Mitarbeiter:innen am Institut erhalten und durchgeführt.



Stand der Informationen: 10. Juni 2021

Wie das ISAS mobil arbeitet



Um die Digitalisierung des Instituts weiter voranzutreiben, setzte Jens Hinrichs 2020 unter anderem auf zusätzliche Server.

Forschung im Homeoffice – was für manche Wissenschaftler:in vor der Pandemie undenkbar war, wurde 2020 binnen kurzer Zeit für viele Beschäftigte am ISAS Realität. Um die Mitarbeiter:innen in der Forschung und Infrastruktur bestmöglich vor einer Ansteckung mit SARS-CoV-2 zu schützen, schuf das Institut im vergangenen Jahr für alle Mitarbeiter:innen in gerade einmal zwei Wochen die Voraussetzungen für mobiles Arbeiten. So ließ sich zusammen mit weiteren Maßnahmen der Arbeitssicherheit, beispielsweise Schichtbetrieb in den Laboren, der Aufenthalt in einem Büro auf größtenteils eine Person beschränken. Im Interview berichtet Jens Hinrichs, Leiter der IT am ISAS, über die Chancen und Herausforderungen der Digitalisierung während der außergewöhnlichen Zeit.

Wie ist es Ihnen und Ihrem Team gelungen, die Belegschaft in kurzer Zeit für die Arbeit im Homeoffice auszustatten?

Hinrichs: Wir haben auf Hochtouren daran gearbeitet, möglichst vielen Kolleg:innen das Arbeiten zu Hause technisch zu ermöglichen. Dabei kam uns der glückliche Zustand zugute, dass wir unser VPN (Virtual Private Network) lange vor der Coronakrise auf eine intensive Nutzung vorbereitet hatten, da bei uns alle, deren Tätigkeit das zulässt, mindestens einen Tag in der Woche mobil arbeiten dürfen. So konnten wir es bei Pandemiebeginn schnell vielen Mitarbeiter:innen ermöglichen, mittels VPN-Verbindung von außen auf die internen ISAS-Dienste zuzugreifen. Weil wir außerdem über viele Laptops zu Schulungszwecken verfügen, konnten wir trotz Lieferengpässen bei den PC-Herstellern im Frühjahr 2020 zahlreiche Mitarbeiter:innen mit Notebooks für zu Hause ausstatten.

Wenden sich seit Pandemiebeginn mehr Kolleg:innen an den IT-Helpdesk als zuvor?

Hinrichs: Ja, allein die Zahl der Anfragen, die wir per E-Mail erhalten, hat sich 2020 verdreifacht. Oft ist dieser Kanal für die Mitarbeiter:innen im Homeoffice der schnellste Weg, um mit uns in Kontakt zu treten. Wir unterstützen bei technischen Schwierigkeiten mit Videokonferenzplattformen oder beraten bei digitalen Zugangsproblemen zum Institut.

Was zeichnet aus Ihrer Sicht ein gutes Arbeiten im Homeoffice aus?

Hinrichs: Ein ruhiger Raum mit einem Schreibtisch, einem bequemen Stuhl und einem separaten Monitor erleichtern die Arbeit deutlich. Deswegen haben wir beispielsweise Bildschirme verliehen, sodass der Arbeitsplatz der Kolleg:innen auch im Homeoffice

»Eine der größten Herausforderungen ist die IT-Sicherheit. Wir verzeichnen seit 2020 einen deutlichen Zuwachs an Angriffsversuchen.«

ergonomischen Ansprüchen gerecht wird. Für ein störungsfreies Arbeiten sind natürlich die technischen Voraussetzungen ebenfalls ausschlaggebend. Ein Breitband-Internetanschluss mit mindestens 25 Mbit/s Download und 5 Mbit/s Upload ist ideal. Außerdem ist es für Videokonferenzen wichtig, dass die Antwortzeiten zur Gegenstelle niedrig bleiben. Dies ist leider oftmals nicht der Fall. Oder aber es kommt trotz hoher Bandbreite zu schlechten Verbindungen, weil zu Hause gleichzeitig der:die Partner:in arbeitet oder Kinder am Online-Unterricht teilnehmen. Auch ein falscher Tarif beim Internetanbieter kann, trotz ausreichend zugesicherter Bandbreite, zu instabilen VPN-Zugriffen führen. Der Grund dafür ist, dass einige Netzanbieter dazu übergegangen sind, sogenannte DSLite-Anbindungen anzubieten, bei denen sich mehrere Teilnehmer:innen eine Internetadresse teilen. Dies macht sich durch häufige Verbindungsabbrüche im VPN bemerkbar. Andere unserer Kolleg:innen, die in ländlichen Regionen wohnen, haben leider Probleme, weil der Breitbandausbau in ihrem Wohnort nur schleppend vorangeht.

Welche Anschaffungen hat die IT seit Beginn der Pandemie getätigt, um das Institut digital aufzurüsten?

Hinrichs: Außer Laptops und Monitoren haben wir Lizenzen für Videokonferenz-Plattformen und zusätzliche Server gekauft. Zudem haben wir unsere eigene Cloud-Lösung ergänzend zu vorhandenen Diensten um ein eigenes Videokonferenz-Modul erweitert. Außer dem Rollout und der Koordination der Laptopausgabe mussten wir unsere Virtualisierungsumgebung permanent erweitern, um den Kolleg:innen Zugang zu wissenschaftlichen Auswertungssystemen, unserem Intranet oder zu Plattformen für die Zusammenarbeit auch im Homeoffice bereitstellen zu können.

Welche Herausforderungen sehen Sie beim Thema Digitalisierung für Forschungseinrichtungen in der Größe des Instituts?

Hinrichs: Die Pandemie hat die Digitalisierung in einigen Bereichen beschleunigt. Zum Beispiel sind Besprechungen per Videokonferenz, virtuelle Laborführungen oder der Austausch wissenschaftlicher Daten per Cloud inzwischen am ISAS die Regel. Grundsätzlich liegen die Herausforderungen darin, dass man die digitale Transformation in vielen Bereichen nur durch spezielle Software erreichen kann, die häufig auf teuren und unübersichtlichen Lizenzmodellen basieren, Personal binden und eher für große Einrichtungen mit mehreren Hundert Mitarbeiter:innen konzipiert sind. Was häufig fehlt, sind einfache Tools mit einem niedrigen Bedienungsaufwand, die fachlich zum Institut passen.

Eine der größten Herausforderungen ist und bleibt die IT-Sicherheit. Wir verzeichnen seit 2020 einen deutlichen Zuwachs an Angriffsversuchen auf unsere IT-Infrastruktur, die wir abwenden und untersuchen müssen. Unabhängig von der Pandemie werden wir in absehbarer Zeit wegen neuer Forschungsvorhaben mehr Bandbreite brauchen.

(SR) ■

Rund 2.000

wiederverwendbare Mund-Nasen-Bedeckungen hat das Institut im Jahr 2020 organisiert.

Ca. 23.400

chirurgische Masken stehen seit Ende Januar 2021 für alle Beschäftigten bereit, Nachschub ist unterwegs.

Stand der Informationen: 10. Juni 2021

ERSTE DIGITALE DAAD GERMAN JORDANIAN SCHOOL 2020

Virtueller Austausch bringt Nachwuchswissenschaftler:innen praktisches Wissen

Auch im Jahr 2020 hat das ISAS trotz Pandemie einen Weg gefunden, den traditionellen Austausch mit der German-Jordanian University (GJU) stattfinden zu lassen: Erstmals empfingen die Organisator:innen die jordanischen Studierenden nicht in Dortmund, sondern digital.

V.l.: Dr. Ahmad Telfah, Dr. Roland Hergenröder und Lubaba Migdadi tauschten sich 2020 digital mit den jordanischen Studierenden aus. Eines ihrer Themen war der Einsatz des gezeigten Halbach-Magneten in Kombination mit der am ISAS entwickelten Pulsfrequenzberechnung.

Das Interesse an der neuntägigen DAAD German Jordanian (Virtual) School 2020 im Dezember war so hoch, dass mit 35 Nachwuchswissenschaflter:innen mehr als doppelt so viele zugelassen wurden als geplant. „Unser Ziel war es, den Studierenden auch über den digitalen Weg erfahrungsbasiertes Lernen und professionelle Exzellenz näherzubringen, orientiert an den Bedürfnissen des Marktes und der Industrie“, erläutert Dr. Roland Hergenröder, Leiter der Arbeitsgruppe Bioresponsive Materials und Mitglied des dreiköpfigen Organisationsteams.

Multidisziplinäre Agenda & genügend Ausdauer

Vom 9. bis 17. Dezember 2020 hielten Dozent:innen aus dem In- und Ausland Vorträge in verschiedenen Disziplinen, darunter Physik, Biologie, Chemie, Wirtschaftsingenieurwesen und Informatik. „Besonders herausfordernd, aber gleichzeitig spannend waren die intensive digitale Betreuung der Teilnehmer :innen mit ihrem unterschiedlichen Wissensniveau von Bachelorstudierenden bis hin zu Doktorand:innen“, sagt Lubaba Migdadi aus dem Organisationsteam.

Die Teilnehmer:innen kamen aus den Studiengängen Physik, Chemie und Chemieingenieurwesen, Biologie, Nanotechnologie, Pharmazie und Wirtschaftsingenieurwesen. Sie alle brachten nicht nur eine große Portion Neugier, sondern auch genügend Ausdauer mit. Je nach Thema und Referent:in wurde das Wissen in 15 bis 120 Minuten serviert.

Mehr Wettbewerbsfähigkeit & wirtschaftliche Stärke

Bei der German Jordanian School geht es insbesondere um praxisrelevantes Wissen, mit dem ein positiver Beitrag zur Lösung von Problemen in Jordanien geleistet werden kann. So erhalten die jungen Wissenschaftler:innen das Handwerkszeug, um künftig die industrielle und wirtschaftliche Stellung in Jordanien zu stärken. In diesem Jahr lag der Fokus darauf, unabhängige jordanische Forschungsgruppen vorzubereiten. Dazu trainierten die Teilnehmer:innen die systematische Anwendung ingenieurwissenschaftlicher Konzepte und Methoden, um Rohstoffe in nützliche Produkte von kommerziellem Interesse umzuwandeln. Außerdem lernten sie neue spektroskopische Techniken kennen.

Kultur & Corona

Von den Teilnehmer:innen gab es für die erste virtuelle Veranstaltung positives Feedback: Viele lobten die multidisziplinären Inhalte und die Integration wissenschaftlicher, sozialer und kultureller Themen. Einige Studierende äußerten den Wunsch, die

ÜBER DIE GERMAN JORDANIAN SCHOOL

Die German Jordanian School ist ein Kooperationsprojekt zwischen dem ISAS und der German-Jordanian University, das vom Deutschen Akademischen Austauschdienst (DAAD) gefördert wird. Seit 2015 existieren zwischen dem ISAS und der GJU mehrere gemeinsame Projekte. Jedes Jahr empfängt das ISAS Studierende, Absolvent:innen und Professor:innen zum zweimonatigen Trainingsprogramm in Dortmund. Mit dabei sind jedes Jahr auch Wissenschaftler:innen anderer Institute und Universitäten.

Online-Schule in regelmäßigen Abständen, auch nach dem Ende der Pandemie, stattfinden zu lassen. „Trotz der Distanz gelang es den Teilnehmer:innen, persönliche Kontakte zu knüpfen und Ideen auszutauschen“, resümiert Dr. Ahmad Telfah, der den Austausch mit der GJU zum wiederholten Male betreut hat. Obwohl sie nicht in der Lage gewesen seien, die Teilnehmer:innen persönlich zu treffen, habe das Team versucht, die Studierenden zu ermutigen, ihre Gedanken, Ansichten und Überzeugungen in Bezug auf ihre Forschung sowie ihre kulturellen und sozialen Interessen auszutauschen. Um die deutsche Kultur ging es übrigens zum Schluss – bei einer virtuellen Live-Tour durch die Innenstadt Dortmunds.

(RJ) ■

Beruf & Familie

Am Wochenende planen meine Frau und ich die kommende Woche. Welche Termine sind wichtig, bei denen Kinder nicht stören dürfen, und wann muss ich in das Labor? Meine Arbeit teile ich auf. Bei Experimenten arbeite ich zu Hause vor, erledige die Berechnungen, plane den Aufbau und fertige CAD-Zeichnungen an, falls ich später Teile aus dem 3D-Drucker benötige. Für die Experimente selbst fahre ich ins Labor und werte die Daten anschließend zu Hause aus. Es hat etwas gedauert, bis ich mich auf das Arbeiten im Homeoffice eingestellt habe, aber inzwischen klappt es sehr gut. Wenn ich zu Hause arbeite, bin ich bis mittags für meine Kinder parallel Grundschullehrer. Mein Sohn ist in der dritten Klasse und schafft seine Hausaufgaben meist allein. Bei meiner sechsjährigen Tochter sitze ich noch oft dabei, um sie zu motivieren oder Fragen zu beantworten. Nachmittags bin ich neben meiner Arbeit Betreuer und Spielkamerad.

In kurzer Zeit zwischen Job und den anderen Rollen zu wechseln, ist eine echte Herausforderung. Dennoch erleichtert das Homeoffice die Kinderbetreuung sehr. Glücklicherweise haben wir auch Großeltern, die ein bis zwei Mal die Woche das Homeschooling übernehmen und mit den Kindern spielen. Für die Kleinen ist die Situation sehr schwierig, weil das soziale Gefüge der Schule fehlt. Gerade für meine Tochter, die seit ihrer Einschulung kaum Gelegenheit hatte, neue Freundschaften zu schließen, ist es nicht leicht. Trotzdem halten beide Kinder super durch, meistern die schulischen Herausforderungen und freuen sich, wenn wir zu Hause für sie da sind. Auf sie bin ich besonders stolz. Die Pandemie hat auch positive Seiten: Es ist schön, mehr Zeit mit der Familie verbringen zu können und diese mit den Kindern intensiver zu erleben als es sonst der Fall wäre. Daher wäre es schön, auch nach der Pandemie einen Tag pro Woche mobile Arbeit beizubehalten.

Daniel Foest, Doktorand Miniaturisierung

Beruf & Familie

Job und Kinderbetreuung zusammen funktionieren nur, weil ich zu Hause arbeiten und mir die Zeiten flexibel einteilen darf. Zwischendurch unterstützt mich meine Schwägerin, indem sie meine siebenjährige Tochter ab und an einige Stunden am Tag betreut. Solange unsere Tochter Schulaufgaben erledigt, teilen wir uns meistens einen großen Schreibtisch, damit ich bei Fragen schnell helfen kann. Das hat sich inzwischen gut eingespielt, sodass wir einträchtig nebeneinander arbeiten können. Wenn ich aber Videokonferenzen habe, wechselt sie den Raum, damit wir uns nicht gegenseitig ablenken. Da ich mir einen Monitor und eine Tastatur vom Institut ausleihen konnte, ist mein Arbeitsplatz zu Hause gut ausgestattet.

Die größte Herausforderung für unser Familienleben ist aktuell das ständige Zusammensein und die fehlende Struktur. Wo sonst Schule, Arbeit und Hobbys den Tagesablauf bestimmen, sind meine Tochter und ich jetzt durch Homeschooling, stillgelegte Hobbys und Kontaktbeschränkungen oft den ganzen Tag zusammen. Dabei muss ich wohl oder übel in verschiedene Rollen schlüpfen und außer Mutter noch Lehrerin, Spielkameradin, Kummerkasten oder auch mal Streitpartnerin sein. Das ist manchmal für beide Seiten schwierig. Unsere Tochter versucht, das Beste aus der Situation zu machen. Ihre Lern- und Anpassungsfähigkeit macht mich stolz.

Nach mehr als einem Jahr Pandemie bin ich dankbar, dass wir uns trotz aller Einschränkungen noch auf der „Sonnenseite“ fühlen dürfen. Ich hoffe, dass wir gesund bleiben und weiterhin so gut durch diese Ausnahmezeit kommen. Was ich für die Zeit danach mitnehmen möchte? Ein bisschen weniger Termine im Privatleben. Ein gewisses Maß an Entschleunigung im Alltag tut ganz gut. Es ist schön, die gemeinsame Freizeit im Garten oder Wald genießen zu können, ohne nachmittags auf die Uhr schauen zu müssen, weil man zu einer bestimmten Zeit verabredet ist.

**Wiebke Bartels,
Referentin für Personalentwicklung**

Für die Forschung zur Herzinsuffizienz untersucht Dr. Elen Tolstik unter dem Konfokalmikroskop Gewebeschnitte von Mäusen.

KRANKHEITS-MECHANISMEN & TARGETS

Im Fokus dieses Forschungsprogramms steht die Analyse molekularer Mechanismen, die an der Entstehung verschiedener Krankheiten, beispielsweise Herz-Kreislauf-Erkrankungen beteiligt sind. Die Erkrankungen haben multifaktorielle Ursachen – genetische Konstellationen spielen ebenso eine Rolle wie Umwelt- und Ernährungseinflüsse. Weil sie bei Patient:innen individuell verlaufen, sprechen diese unterschiedlich auf Therapien an. Um die Pathomechanismen umfassend zu verstehen und die Erkrankungen künftig früher diagnostizieren, mit weniger Nebenwirkungen und individuell besser therapieren zu können, identifizieren Forscher:innen am ISAS potenzielle Zielmoleküle.

Die Wissenschaftler:innen setzen bei ihrer Grundlagenforschung Methoden ein, die sich keineswegs auf die Genomebene beschränken, sondern auch proteomische und metabolomische Parameter beinhalten. Die Forscher:innen setzen hierfür Multiomics-Verfahren (► S. 43) ein und erproben sowie optimieren diese.

Ein Schwerpunkt im Programm ‚Krankheitsmechanismen und Targets' liegt auf kardiovaskulären Erkrankungen. Hier kann das Institut auf jahrelange analytische Expertise zurückgreifen, darunter umfangreiche Untersuchungen des Blutplättchenproteoms sowie die detaillierte Aufklärung von Thrombozytenfunktionsstörungen und molekularen Prozessen bei Herzinsuffizienz (Herzschwäche).

Molekulare Mechanismen der Herzinsuffizienz

Für viele Erkrankungen des Herz-Kreislauf-Systems sind molekulare Ursachen und der Krankheitsverlauf noch weitestgehend unverstanden. Im Forschungsprogramm ‚Krankheitsmechanismen und Targets' arbeiten die Wissenschaftler:innen daran, die Diagnostik für Herzschwäche zu verbessern und neue Therapieansätze zu etablieren. Sie kombinieren klassische Methoden der Molekulargenetik und Biochemie mit Hochdurchsatzmethoden. So decken die Forscher:innen am ISAS die ganze Bandbreite der Analyse ab – von der detaillierten Untersuchung einzelner Komponenten bis zur Betrachtung ganzer zellulärer Systeme.

Charakteristische Krankheitsverläufe & Reduktion der Nebenwirkungen

Die Wissenschaftler:innen entwickeln neue Diagnose- und Therapietools zur Differenzierung verschiedener Herzerkrankungen. Dazu arbeiten sie mit transgenen Mäusen. Ziel ist es, spektroskopische Charakteristika von verschiedenen Krankheitsverläufen herauszuarbeiten. Des Weiteren entwickelt und optimiert die Arbeitsgruppe Silizium-basierte Nanocontainer, die eine Herzmuskelzellen-spezifische Applikation von Medikamenten ermöglichen und damit die Nebenwirkungen reduzieren.

Heilungsprozesse im Herzen durch CAP

Die Forscher:innen untersuchen die Wirkweise kalter atmosphärischer Plasmen (Cold Atmospheric Plasma, CAP) bei der Therapie von Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Solche Plasmen sind bislang vor allem auf dem Gebiet der Wundheilung, der Behandlung von infektiösen Hauterkrankungen, der Zahnheilkunde und der Krebsbehandlung erprobt. Sie könnten die Nitritkonzentration im Blut erhöhen und damit einen kardiovaskulären Risikofaktor verringern.

Bildgebende Verfahren

Im Jahr 2020 haben die Wissenschaftler:innen die biospektroskopischen Analysen intensiv mittels bildgebender Schwingungsmikroskopie und hochauflösender Mikroskopie weiter vorangetrieben. Mithilfe der optischen Methoden gelang es ihnen, die verschiedenen molekularen Mechanismen der Herzinsuffizienz zu untersuchen und die entsprechenden Krankheiten in frühen Stadien zu diagnostizieren. In Zusammenarbeit mit den Universitäten Würzburg und Duisburg-Essen untersuchten die Wissenschaftler:innen dafür verschiedene Mausmodelle mit genetischen Erkrankungen.

Ein Peptid namens ‚EDI'

Außerdem haben die Forscher:innen ein Peptid entwickelt, das vor Druck-induzierter Herzinsuffizienz schützt, ohne das Zellüberleben negativ zu beeinflussen. Das dafür genutzte Verfahren der selektiven Hemmung von Kinasen kann möglicherweise in Zukunft nicht nur bei Herzinsuffizienz, sondern auch für die Krebstherapie interessant sein, da es keine kardiotoxischen Effekte aufweist und wachstumshemmend (antiproliferativ) auf Krebszellen wirkt.

(RJ / SR) ■

Arbeitsgruppe Kardiovaskuläre Pharmakologie
Prof. Dr. Kristina Lorenz
T: +49 (0)231 1392-103
E: kristina.lorenz@isas.de

Arbeitsgruppe Miniaturisierung
PD Dr. Joachim Franzke
T: +49 (0)231 1392-174/199
E: joachim.franzke@isas.de

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

ERC-Gruppe Sulfaging
Dr. habil. Milos Filipović
T: +49 (0)231 1392-4173
E: milos.filipovic@isas.de

Arbeitsgruppe Translationale Analytik
(vormals Standardisierung)
Dr. Dirk Janasek
T: +49 (0)231 1392-202
E: dirk.janasek@isas.de

Mit molekularen Werkzeugen auf der Suche nach Proteasen

Enzyme steuern den überwiegenden Teil der biochemischen Reaktionen im menschlichen Körper. Doch obwohl sie für den Menschen unerlässlich sind, können sie auch die Ursache für viele Krankheiten sein.

Prof. Dr. Steven Verhelst arbeitet am ISAS und am Institut für Zell- und Molekularmedizin der KU Leuven – University of Leuven, Belgien. Er forscht zu chemischer Biologie und chemischer Proteomik.

Am ISAS erforschen deshalb Wissenschaftler:innen beim Projekt ‚Molekulare Werkzeuge für die Untersuchung von Intramembranproteasen' eine Klasse von proteinspaltenden Enzymen, die Proteasen, genauer. Besonders die Intramembranproteasen (in der Zellmembran), darunter Rhomboid-Proteasen, stehen im Fokus der Arbeit. Sie stehen im Zusammenhang mit Alzheimer und Diabetes Typ II. Um diese Proteasen zu untersuchen, nutzen die Forscher:innen Methoden der synthetischen Chemie. „Wir entwickeln molekulare Werkzeuge, genauer gesagt aktivitäts- und affinitätsbasierte Sonden, die die Enzyme gezielt aufspüren können", berichtet Projektleiter Prof. Dr. Steven Verhelst. Die Projektgruppe bekommt damit einen Einblick in die physiologische und potenziell pathologische Rolle der Intramembranproteasen.

Medikamente künftig besser an Targets anpassen

Im Jahr 2020 hat das Team um Verhelst die Arbeiten an Ketoamid-Inhibitoren, die die Rhomboid-Proteasen hemmen, beendet. Sie konnten zeigen, dass bestimmte Teile der Inhibitoren, die „primed site" Bindungselemente, für die Hemmung entscheidend sind. Die Forscher:innen nutzen diese Erkenntnisse zusammen mit ihrem chemischen Werkzeugkoffer dazu, Bindungsstellen für Medikamente, sogenannte Targets (‣ S. 26), zu identifizieren. Mithilfe von massenspektrometrischen Analysen konnten die Wissenschaftler:innen außerdem beweisen, dass die von ihnen entwickelten Sonden, etwa basierend auf Pepstatin A, einem Aspartylprotease-Inhibitor, nicht nur ihr Proteaseziel markieren, sondern auch andere Interaktionspartner wie Substrate identifizieren. Um künftig komplexe kleine Moleküle schnell an die Zielstrukturen anpassen zu können, haben sie im Jahr 2020 an den Reagenzien für diese sogenannte Spätfunktionalisierung (Late Stage Functionalization) geforscht und bereits mit ihrer Synthese begonnen. ‣

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Projektleiter
Prof. Dr. Steven Verhelst
Chemical Proteomics
E: steven.verhelst@isas.de

Austausch über Enzyme der Immunabwehr

Eine weitere Klasse von Enzymen, mit denen sich die Arbeitsgruppe im vergangenen Jahr genauer beschäftigt hat, sind die neutrophilen Serin-Proteasen. Sie nehmen Einfluss darauf, ob die weißen Blutkörperchen (Leukozyten) im Immunsystem eine schützende oder pathologische Funktion erfüllen. Im Austausch mit dem Labor für Chemische Biologie der Universität Leuven hat die Gruppe für diese Enzyme Sonden auf Basis von Phosphonat und Phosphinatestern entwickelt. Sie haben damit begonnen, ein Verfahren für die Fluoreszenzmikroskopie zu entwerfen, bei dem sie den Aktivierungsprozess bestimmter Leukozyten mithilfe der Ester visualisieren wollen.

(CMP) ■

TARGETS UND OFF-TARGETS

Jeder Arzneimittelwirkstoff hat ein Ziel (Target), für das er entwickelt wurde. Diese Targets können zum Beispiel Strukturen wie Enzyme, Ionenkanäle oder Rezeptorproteine sein, die an der Entstehung einer Krankheit beteiligt sind und zerstört werden sollen. Zwar sind die Moleküle sehr spezifisch, aber es gibt Strukturen (Off-Targets), an denen sie binden, obwohl sie dafür keineswegs gedacht sind.
Dieser Off-Target-Effekt kann sich unerwartet positiv auf eine Behandlung auswirken, äußert sich jedoch häufig als qualvolle Nebenwirkung oder Begleiterkrankung für Patient:innen.

Software LipidCreator unterstützt die Diagnose & Prognose von Krankheiten

Die vielfältigen Funktionen der Lipide im menschlichen Körper nutzt die Forschung zunehmend, um Erkrankungen früher zu diagnostizieren und deren Verläufe besser vorherzusagen.

Forscher:innen am ISAS und am Institut für Analytische Chemie der Universität Wien haben 2020 erstmals eine Software für gezielte massenspektrometische Analysen von Lipiden entwickelt. Mithilfe von LipidCreator lassen sich beispielsweise Erkenntnisse über die Blutgerinnung und die Entstehung von Thrombosen gewinnen.
Die Software ermöglicht nicht nur neue Untersuchungen in der Gesundheitsforschung, sondern kommt auch für verschiedene Laborumgebungen infrage. Gleichzeitig dient sie als riesige Bibliothek des Lipid-Wissens. „Nach den Erfolgen der Omics-Technologien hat man ein deutlich umfassenderes Bild, dass nicht-codierende Biomoleküle wie Lipide und Metabolite regulatorische Funktionen der Zelle beeinflussen und so an der Entstehung komplexer Erkrankungen beteiligt sind. Dies ist etwa bei Herz-Kreislauf-Erkrankungen, neurodegenerativen Krankheiten, entzündlichen Prozessen oder beim metabolischen Syndrom der Fall“, erläutert Prof. Dr. Albert Sickmann, ISAS-Vorstandsvorsitzender. Am ISAS beschäftige sich daher eine Arbeitsgruppe ausschließlich mit Lipidomics und forsche an der Neu- und Weiterentwicklung von Methoden, die zu einer verbesserten Lipidanalytik beitragen.

(SR) ■

LipidCreator entstand im ‚de.NBI-Partner-Verbundprojekt LIFS. de.NBI‘ und ‚Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur - de.NBI‘. Beide Projekte wurden vom Bundesministerium für Bildung und Forschung im Rahmen des Bundeshaushaltes gefördert (Förderkennzeichen 031L0108A und 031A534B).

GEFÖRDERT VOM
de.NBI
Bundesministerium für Bildung und Forschung

Molekulare ‚Schalter' für Herzinfarkte umlegen

Die koronare Herzkrankheit (KHK, auch kardiale Ischämie genannt) ist laut Weltgesundheitsorganisation weltweit die häufigste Todesursache. Sie tritt auf, wenn das Herz zu wenig durchblutet wird und der Herzmuskel nicht mehr ausreichend mit Sauerstoff versorgt werden kann. Eine daraus resultierende plötzliche, schwere Verstopfung der Herzarterien kann beispielsweise zu Herzrhythmusstörungen oder einem Herzinfarkt führen.

Der Sonderforschungsbereich (SFB) 1116 ‚Master Switches bei kardialer Ischämie' der Deutschen Forschungsgemeinschaft, an dem auch ISAS-Wissenschaftler:innen beteiligt sind, untersucht die Phase nach einem akuten Infarkt anhand molekularer Mechanismen. Ziel ist es, neue therapeutische Ansätzen zu finden. Damit sollen Komplikationen und Spätfolgen des Herzinfarkts, wie eine dauerhafte Herzschwäche, in Zukunft vermindert werden. Seit November 2018 (und damit zum Beginn der zweiten Förderperiode von vier Jahren) ist das ISAS Teil des Zusammenschlusses der 15 Forschungsgruppen aus Düsseldorf und Dortmund.

Einblick in die Prozesse nach einem Herzinfarkt

Die Forscher:innen am ISAS wollen neue therapeutische Zielstrukturen, wie bestimmte Stoffwechselvorgänge oder Zellfunktionen, finden. Die namensgebenden ‚master switches' spielen eine entscheidende Rolle im Genesungsverlauf nach einer kardialen Ischämie. „Trotz zahlreicher Studien ist die Regulation und Wirkweise verschiedener Aktivierungstrigger von Rezeptoren im Herzen noch unklar. Wir haben ein Protein identifiziert, das einen eigenen Aktivierungsmodus einleiten kann", berichtet Prof. Dr. Kristina Lorenz. Unter ihrer Leitung forschen am ISAS Wissenschaftler:innen der Arbeitsgruppe Kardiovaskuläre Pharmakologie am Raf-Kinase-Inhibitor-Protein (RKIP) und seinen herzschützenden Eigenschaften. Sie untersuchen, wie RKIP sogenannte Beta-Adrenozeptoren aktiviert. Letztere sind maßgeblich an der Muskelfunktion des Herzens beteiligt. Die im vergangenen Jahr gewonnenen Erkenntnisse können dabei helfen, bereits bekannte Medikamenten-Zielstrukturen zu optimieren und neue Therapiestrategien zu entwerfen. Demnach

Gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) – Projektnummer 236177352-SFB1116.

Arbeitsgruppe Kardiovaskuläre Pharmakologie
Prof. Dr. Kristina Lorenz
T: +49 (0)231 1392-103
E: kristina.lorenz@isas.de

Für ihre Forschung pendelt Prof. Dr. Kristina Lorenz zwischen Dortmund und Würzburg, wo sie das Institut für Pharmakologie und Toxikologie an der Julius-Maximilians-Universität leitet.

könnte beispielswiese das Herz-Kreislauf-System nach einem Infarkt so medikamentös stabilisiert werden, dass die Kontraktionskraft des Herzen trotz geringerer Nebenwirkungen gesteigert werden kann.

ISAS stellt Multiomics-Methoden bereit

Die ISAS-Arbeitsgruppe Proteomics stellt die experimentellen Modelle sowie die Massenspektrometrie-basierten Technologien für die Analyse zur Verfügung. So unterstützt das Institut das Projekt SFB 1116 mit Multiomics-Methoden bei der Entschlüsselung der Krankheitsmechanismen. Im Jahr 2020 haben die Wissenschaftler:innen beispielsweise gemeinsam mit anderen Forscher:innen das Gewebe von Mäusen, die unter verschiedenen Fütterungsbedingungen gelebt haben, analysiert. Sie konnten außerdem eine Methode zur Quantifizierung verschiedener Formen von CD73, einem Enzym, das das Herz nach einem Infarkt vor einer unkontrollierten Entzündungsreaktion schützt, in humanen Zellen entwickeln.
Im Herbst 2020 wurde außerdem eine Liquid Extraction Surface Analysis (LESA™) am ISAS installiert. Diese erlaubt eine tiefergehende massenspektrometrische Analyse. Damit wollen die Forscher:innen zukünftig Gewebe nach einem Infarkt untersuchen, um einen tieferen Einblick in die Mechanismen der kardialen Ischämie zu erhalten.

(CMP) ■

»Die Regulation und Wirkweise verschiedener Aktivierungstrigger von Rezeptoren im Herzen ist noch unklar. Wir haben ein Protein identifiziert, das einen eigenen Aktivierungsmodus einleiten kann.«

Dr. Elen Tolstik sucht am ISAS nach dem molekularen Fingerabdruck, mit dem sich Herz-Kreislauf-Erkrankungen in Zukunft besser behandeln lassen als bisher.

Physikerin Elen Tolstik forscht fürs Herz

Rund 1.400 Kilometer liegen zwischen Minsk, der Heimat von Dr. Elen Tolstik, Postdoc am ISAS, und dem Institutssitz in Dortmund. Ihr Weg in die Ruhrgebietsstadt führte die zweifache Mutter zuerst für ihre Promotion nach Jena, bevor sie 2018 ans ISAS kam. Seitdem arbeitet die Physikerin in den Arbeitsgruppen Kardiovaskuläre Pharmakologie sowie Translationale Analytik.

Tolstik forscht nach Biomarkern, mit denen Volkskrankheiten wie Herz-Kreislauf-Erkrankungen früher erkannt und besser therapiert werden können. Dafür nutzt sie die bildgebende Schwingungsspektroskopie und hochauflösende Mikroskopie. Mit diesen beiden Instrumenten untersucht die Wissenschaftlerin Lipide und Proteine in Zellen und Gewebe von gesunden und kranken Mäusen. Wie viele dieser Fette und Eiweiße wann und wo in einer Probe vorhanden sind, geben ihr – als molekularer Fingerabdruck – Aufschluss über die Ursache und den Verlauf der Erkrankung. Auch die Therapie der Versuchstiere und die Analyse der lokalen Wirkung der Medikamente im Mauskörper sind Teil von Tolstiks Arbeit.

Die Forschung der 36-Jährigen ist nicht nur für die Lebensqualität von Menschen mit Herz-Kreislauf-Erkrankungen wichtig. Ihre Ergebnisse tragen dazu bei, auch die Therapie weiterer Krankheiten mit ähnlichen Einlagerungen von Proteinen und Lipiden besser zu verstehen und zu behandeln als bisher.

(SR) ■

Wirkung von Schilddrüsenhormonen in Gehirn, Leber & Herz entschlüsseln

Als zentrales endokrines Organ produziert die Schilddrüse Hormone, die von elementarer Bedeutung für die Entwicklung und Funktion des menschlichen Organismus sind.

Arbeitsgruppe
Kardiovaskuläre Pharmakologie
Prof. Dr. Kristina Lorenz
T: +49 (0)231 1392-103
E: kristina.lorenz@isas.de

Gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) – Projektnummer 424957847-TRR 296.

Der vom Universitätsklinikum Essen geleitete Sonderforschungsbereich / Transregio 296 ‚Local Control of Thyroid Hormone Action – LocoTACT' untersucht im Forschungsverbund mit der Universität zu Lübeck und der Charité – Universitätsmedizin Berlin in Zusammenarbeit mit dem Helmholtz Zentrum München, der Universität Leipzig und dem ISAS die lokale Kontrolle der Wirkungen von Schilddrüsenhormonen. Im Fokus des Vorhabens steht von 2020 bis 2024 die Funktionsweise dieser Kontrollmechanismen insbesondere im Gehirn, im Herz und in der Leber. Die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) fördert den Sonderforschungsbereich in diesem Zeitraum mit insgesamt 13,7 Mio. Euro.

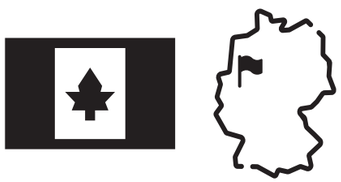
Schilddrüsenhormone & ischämische Herzerkrankungen

Gehirn, Herz und Leber sind Ausgangspunkte vieler häufiger Erkrankungen wie Schlaganfall, Herzschwäche (Herzinsuffizienz) oder Lebererkrankungen (Hepatopathie). Ziel der Wissenschaftler:innen bei LocoTACT ist es, neue Therapieansätze zu finden, indem sie entschlüsseln, wie Transport, Stoffwechsel und Wirkmechanismus von Schilddrüsenhormonen in den Organen kontrolliert werden. Außerdem erforschen sie, welche Auswirkung eine Störung dieser Prozesse hat. Dabei wollen die Forscher:innen auch herausfinden, inwieweit sich ein veränderter lokaler Schilddrüsenhormonstatus in den untersuchten Organgeweben positiv bei Volkskrankheiten wie der „Fettleber" auswirken kann. Dafür möchten sie Strategien zur therapeutischen Modifikation des gewebs- und zellspezifischen Schilddrüsenhormon-Status entwickeln und bei Krankheitsprozessen evaluieren, wo Schilddrüsenhormone günstige Effekte haben. „Ziel ist es, die lokale Modulation der Schilddrüsenhormonwirkung organspezifisch zur Prävention und Therapie von seltenen und häufigen Erkrankungen einzusetzen. Am ISAS untersuchen wir beispielsweise den Einfluss von Schilddrüsenhormonen bei ischämischen Herzerkrankungen. Dafür wollen wir die zugrunde liegenden Mechanismen weiter erforschen und die Signaltransduktionswege bewerten", erklärt Prof. Dr. Kristina Lorenz, Leiterin der Abteilung Translationale Forschung (ehemals Biomedizinische Forschung) am ISAS.

(RJ) ■

Molekulare Phänotypisierung der Maus – MS-Assays ersetzen erfolgreich bisherige Immunassays

Mäuse sind in der Gesundheitsforschung aufgrund ihrer physiologischen Nähe zum Menschen, der einfachen Züchtung und der Verfügbarkeit von molekularen Werkzeugen für die genetische Manipulation die am meisten verwendeten Säugetiere.



Für neue Erkenntnisse über Gesundheit und Krankheit, neue Behandlungsansätze und die Medikamentenentwicklung müssen die Modelle validiert und charakterisiert werden. Dazu bestimmt man in der Wissenschaft üblicherweise die Konzentration einer Vielzahl von Proteinen in den Bioflüssigkeiten und Geweben von Mäusen. Meist kommen hier sogenannte Immunassays zum Einsatz, die aber nur limitierte Aussagen über einzelne Proteine in einer Probe zulassen. Forscher:innen am ISAS, der University of Victoria und der McGill University in Kanada ist es beim Projekt ‚Qualitative Proteomanalyse am Mausmodell' gelungen, Immunassays im Labor und in der Klinik erfolgreich mit massenspektrometrischen Assays (MS-Assays) zu ersetzen.

Neue MS-Assays & Proteomic Kits

Im Gegensatz zu herkömmlichen Proteinphänotypisierungstechniken lässt sich die MRM-Massenspektrometrie hochgradig parallelisieren, ohne bei der Spezifität oder quantitativen Präzision einzubüßen. Um das Wissen über reguläre Proteinkonzentrationen in Mausgeweben zu erweitern, war das Ziel dieses Projekts die Entwicklung von MS-Assays für 3.000 Proteine in 20 Mausgeweben. Außerdem entwickelten die Wissenschaftler:innen einfach zu handhabende, quantitative Proteomic Kits für 20 verschiedene Mausgewebe, die sie inzwischen weltweit anbieten. Zusätzlich stellten sie Interpretationshilfen für die Ergebnisse bereit. „Damit wollen wir die wissenschaftliche Reichweite erhöhen, um schließlich eine tiefgehende molekulare Phänotypisierung von Mäusen sowie ein detailliertes und vollständiges Bild der gesamten Proteinpalette im Genom zu erhalten", erläutert Prof. Dr. Christoph Borchers von der medizinischen Fakultät der McGill University.

Projektziel übertroffen

Während des Projekts (Juli 2016 bis Ende 2019) analysierten die Wissenschaftler:innen Proben von 20 Geweben jeweils sechs männlicher und weiblicher Tiere aus drei Stämmen. Insgesamt führten sie 5.182 Messungen in allen Geweben durch, was 1.691 einzigartigen Proteinen, also Proteinen, die nur in der Spezies Maus vorkommen, entspricht. Im ersten Schritt identifizierten sie 9.601 einzigartige Proteine in 42 Geweben. Forscher:innen am ISAS synthetisierten Standards für 3.932 Peptide, die 1.199 Proteinen entsprechen. Im zweiten Schritt entwickelten sie 2.838 Assays, was 1.023 einzigartigen Proteinen für Thrombozyten, Herz, weißes Fett, Serum und mitochondriale Proteine enspricht. Zusammengenommen haben die Wissenschaftler:innen in Dortmund und Montreal das Projektziel, 3.000 Proteinassays zu entwickeln, mit insgesamt 9.765 Assays übertroffen.

Freie Wissensdatenbank & Kits für weitere Forschung entwickelt

Um die große Menge an Daten, die während dieses Projekts generiert wurden, zu speichern und darzustellen, haben die Wissenschaftler:innen eine spezielle Datenbank entwickelt. Die Quantitative Mouse Proteomics Knowledgebase enthält die gemessenen Konzentrationswerte und zugehörige Informationen. Die Wissensdatenbank ist so konzipiert, dass sie sich einfach ergänzen lässt, wenn Ergebnisse zu neuen Proteinen, Geweben oder Stämmen aus nachfolgenden Analysen hinzukommen. Nutzer können alle Daten filtern, um sich beispielsweise auf eine bestimmte Gruppe

Prof. Dr. Christoph Borchers widmet sich der Verbesserung, Entwicklung und Anwendung von Proteomics-Technologien. Schwerpunkt seiner Forschung sind Techniken für quantitative gezielte Proteomics für die klinische Diagnostik.

»Die gemessenen Proteinkonzentrationen sind eine wertvolle Ressource für internationale Forscher:innen, die mithilfe unserer Mausmodelle komplexe biologische Prozesse verstehen wollen.«

von Proteinen, einen spezifischen Mausstamm oder ein Geschlecht zu konzentrieren. Zuletzt haben die Wissenschaftler:innen ein Kit entwickelt. Dieses lässt sich zum einen dazu nutzen, Mausmodelle grundsätzlich besser zu charakterisieren als bislang mit gängigen Assays möglich; zum anderen helfen die Analyseergebnisse dabei, Krankheiten besser zu verstehen und eine große Zahl an potenziellen Zielmolekülen (Targets) für die Arzneimitteltherapie zu identifizieren.

Austausch & besseres Verständnis von Krankheiten

Mit dem Projekt konnten die Teilnehmer:innen den interdisziplinären Austausch zwischen Forscher:innen weltweit anregen, indem sie ihre Ergebnisse in einer frei zugänglichen Datenbank und die Assays als molekularen Phänotypisierungsservice veröffentlicht. „Die in drei in der Forschung gängigen Mausstämmen gemessenen Proteinkonzentrationen sind eine wertvolle Ressource für internationale Forscher:innen, die mithilfe unserer Mausmodelle komplexe biologische Prozesse verstehen wollen“, sagt Borchers.

(PJ) ■

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

McGill University
Prof. Dr. Christoph Borchers
E: christoph.borchers@mcgill.ca

In Kooperation mit:
Arbeitsgruppe
Translationale Analytik
(vormals Standardisierung)

Eiweißsequenz liefert Erkenntnisse für die Therapie von Herzschwäche & Krebs

Beim Projekt ‚Herzschützendes Targeting von ERK (ERK-CASTing) – Validierung der Zielstruktur bei Herzinsuffizienz, Krebs und RASopathien‘ validiert das ISAS in Zusammenarbeit mit der TU Dortmund und dem Lead Discovery Center einen möglichen Angriffspunkt für Arzneimittel zum Einsatz bei Herzschwäche.

Das interdisziplinäre Team hat unter der Leitung von Prof. Dr. Kristina Lorenz, wissenschaftliche Direktorin der Abteilung Translationale Forschung (vormals Biomedizinische Forschung), im Jahr 2020 die Rolle extrazellulär regulierter Kinasen (ERK) beim pathologischen Herzwachstum untersucht. Hierbei haben die Wissenschaftler:innen erstmals eine wichtige Eiweißsequenz identifiziert. Die in diesem Forschungsprojekt gewonnenen Erkenntnisse können in Zukunft nicht nur Menschen mit Herzschwäche helfen, sondern auch Krebspatient:innen zugutekommen.

■

Dieses Projekt wurde vom Bundesministerium für Bildung und Forschung im Rahmen des Programmes „Gesundheitsforschung“ gefördert (Förderkennzeichen 16GW0262K).

GEFÖRDERT VOM

Bundesministerium für Bildung und Forschung

PERSONALIEN

ISAS & UDE berufen Anika Grüneboom zur Professorin

Zimt? Bei Prof. Dr. Anika Grüneboom hat das mit Backen nichts zu tun. Zwar kam die Immunologin in der Adventszeit von der Universität Erlangen-Nürnberg ans ISAS. Doch mit Zimtsäureethylester macht sie das ganze Jahr über Knochen und Gewebe durchsichtig.

Mit ihrem Wechsel an das Institut wurde Grüneboom zugleich als Professorin an die Universität Duisburg-Essen (UDE) berufen. Am ISAS leitet die 34-Jährige seit Dezember die Arbeitsgruppe Bioimaging. Bei ihrer Forschung geht es darum, mithilfe der 4D-Analytik Biomarker für eine Frühdiagnostik oder personalisierte Therapie zu ermitteln. Dafür arbeitet die gebürtige Essenerin beispielsweise am Lichtblatt-Fluoreszenzmikroskop, um zeitgleich Informationen zu unterschiedlichen Molekülklassen und deren räumlichen Verteilungsmustern abzubilden. „Bei den gängigen bioanalytischen Labormethoden werden Zellen oder Biomoleküle aus Gewebeproben isoliert, um sie zu untersuchen. Dadurch gehen jedoch sämtliche Informationen zu ihrer räumlichen Lage verloren“, erläutert Grüneboom. Wie relevant die Verortung ist, zeigen zum Beispiel Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Bei einem Infarkt verändern sich die molekulare und zelluläre Zusammensetzung der betroffenen Gewebeareale des Herzens massiv gegenüber gesunden Bereichen.

■

Experimentelle Medizinische Bildgebung lautet der Name der Professur, die Prof. Dr. Anika Grüneboom an der Universität Duisburg-Essen seit November 2020 innehat.

Arbeitsgruppe Bioimaging
Prof. Dr. Anika Grüneboom
T: +49 (0)231 1392-239
E: anika.grueneboom@isas.de

ERC-Preisträger Milos Filipović kommt ans ISAS

Mit Schwefelwasserstoff verbindet Dr. habil. Milos Filipović viel mehr als den Geruch fauler Eier. Für ihn bildet der Gasotransmitter ein wichtiges Kernthema seiner Forschung.

Im Oktober konnte das ISAS mit Dr. habil. Milos Filipović einen Spitzenforscher für den Wissenschaftsstandort Deutschland gewinnen. Bei seiner Ankunft aus Bordeaux hatte der Biochemiker nicht nur Gewebeproben und Modellorganismen im Gepäck, sondern auch eine EU-Förderung über zwei Millionen Euro für seine ausgezeichnete Forschungsarbeit zu Alterungsprozessen.

Filipović forscht auf den Gebieten der Biochemie und Neurowissenschaften. Dafür wurde er bereits mehrfach ausgezeichnet – zuletzt mit dem European Research Council (ERC) Consolidator Grant. Am ISAS leitet der 39-Jährige die Gruppe Sulfaging in der Abteilung Translationale Forschung. Mit seinem Team untersucht er den Zusammenhang zwischen Alterungsprozessen und sogenannter Gasotransmitter-Signalisierung. Dabei konzentriert sich der Biochemiker auf die Signalübertragung in Zellen durch Schwefelwasserstoff. Bei diesem noch jungen Forschungsgebiet will der ERC-Preisträger die genauen Mechanismen der Schwefelwasserstoff-Aktionen entschlüsseln, etwa mithilfe transgener Würmer. Filipovićs Forschung zur Stoffwechselbiochemie liefert wichtige Erkenntnisse, um künftig beispielsweise altersbedingte Erkrankungen besser diagnostizieren und therapieren zu können. ■

Für dieses Projekt wurden Fördermittel des Europäischen Forschungsrats (ERC) im Rahmen des Programms der Europäischen Union für Forschung und Innovation „Horizont 2020“ bereitgestellt (Finanzhilfevereinbarung Nr. 864921).

ERC-Gruppe Sulfaging
Dr. habil. Milos Filipović
T: +49 (0)231 1392-4173
E: milos.filipovic@isas.de

GASOTRANSMITTER

Zu den Gasotransmittern gehören die Gase Schwefelwasserstoff, Stickoxid und Kohlenmonoxid. Sie wirken als Signalstoffe innerhalb und zwischen Zellen und spielen eine wichtige Rolle im menschlichen Körper, beispielsweise bei der Steuerung des Herzschlags oder bei Nervenaktivitäten.

Gemeinsame Professur in der Bioinformatik ausgeschrieben

Die Universität Bielefeld und das ISAS bauen ihre Zusammenarbeit in Forschung und Lehre aus und möchten sich in der Bioinformatik, Bioanalytik und Biomedizin strategisch ergänzen. Gemeinsames Ziel ist es, einen Beitrag zur personalisierten Medizin zu leisten.

Als erstes haben die Kooperationspartner im Dezember 2020 eine gemeinsame Juniorprofessur für mehrdimensionale Omics-Analysen ausgeschrieben. Sie ist in der Bioinformatik angesiedelt und soll an Methoden zur Analyse und Visualisierung von Messdaten arbeiten, die auf genomischer Ebene Einblick in den Menschen gewähren. Mit der Professur verbunden ist zudem der Aufbau einer Forschungsgruppe am ISAS. ■

Besiegelten 2020 die neue Kooperation: Prof. Dr. Markus Nebel und Prof. Dr.-Ing. Gerhard Sagerer von der Universität Bielefeld sowie Prof. Dr. Albert Sickmann (mittig) vom ISAS.

Eine geöffnete High Performance Liquid Chromatography (HPLC) ist für Ingo Feldmann kein seltener Anblick. Als Leiter des Technischen Service Bioanalytik kümmert er sich mit seinem Team um die hochempfindlichen Geräte.

BIOMARKER

Um zu verstehen, wann und wo im Körper die biologische Entscheidung zwischen Krankheit und Gesundheit fällt, bedarf es Analysemethoden, die zeitgleich Informationen zu unterschiedlichen Molekülklassen und deren räumlichen Verteilungsmuster abbilden. Ziel der Arbeiten im gleichnamigen Forschungsprogramm ist es, Biomarker für eine Frühdiagnostik oder personalisierte Therapie mithilfe der 4D-Analytik zu ermitteln. Zuverlässige Marker erweitern in der modernen Medizin die Möglichkeiten der evidenzbasierten Diagnostik, die eine differenzierte und individuelle Therapie erlaubt. Marker-basierte Diagnosen ermöglichen es, Erkrankungen in Subtypen zu unterteilen und dadurch Behandlungen für Patient:innen spezifisch anzupassen.

Biologische Marker können verschiedene kleine oder große Moleküle sein. So lassen sich zum Beispiel mit Aminosäuren, Lipiden und Metaboliten spezifische Aussagen über Stoffwechselveränderungen und die Modulation von Proteinfunktionen treffen. Proteine dienen häufig als Marker für die Veränderung von zellulären Strukturen, Signalwegen innerhalb einer Zelle oder Zellverbänden. Am ISAS arbeiten Forscher:innen daran, Biomarker für verschiedene Krankheitsbilder und -stadien zu identifizieren, zu untersuchen und zu validieren. Im Fokus des Forschungsprogramms Biomarker stehen Marker für den Einsatz bei kardiovaskulären Erkrankungen, in der Kardio-Onkologie sowie bei Krankheiten wie dem Metabolischen Syndrom oder Typ-2-Diabetes, die das Risiko für Herz-Kreislauf-Erkrankungen erhöhen.

Voraussetzung sind Messmethoden mit hoher Präzision

Die Wissenschaftler:innen widmen sich nicht nur der Entwicklung und Validierung der Biomarker, sondern forschen auch an Methoden, mit denen sich die Marker besser in komplexen biologischen Matrices detektieren lassen. Angesichts der riesigen Anzahl potenzieller Analyten in biologischen Systemen bedarf es Messungen mit hoher Präzision.

Zum Forschungsprogramm gehört beispielsweise das Projekt ‚Targeted and Non-Targeted Metabolomics'. Hier setzen die Forscher:innen die Kernspinresonanzspektroskopie (Nuclear Magnetic Resonance, NMR) ein, um das Metabolom dreidimensionaler Zellkulturen (Organoide) zu analysieren. Mittels NMR-Spektroskopie können die Wissenschaftler:innen festgelegte Metaboliten-Sets zur Frühdiagnose von Erkrankungen oder zur Überwachung von Therapieerfolgen gezielt betrachten. Darüber hinaus wenden sie nicht gerichtete Analysen an, um metabolische Netzwerke zu untersuchen.

Studien rund um Thymome erfolgreich abgeschlossen

2020 gelang es den Wissenschaftler:innen, die Studien zur Chemosuszeptibilität von Thymomen (Tumore der Thymusdrüse) – also die Empfänglichkeit der Tumorzelle gegenüber einer spezifischen Chemotherapie – erfolgreich abzuschließen. Dazu generierten sie verschiedene Sphäroide auf Basis von Patientenproben und kombinierten NMR- und Fluoreszenz-Messungen, um Aussagen bezüglich der Toxizität verschiedener Chemotherapeutika an 2D- und 3D-Zellkulturen zu gewinnen. Lediglich ein Viertel aller Thymome ist bösartig. Das Thymuskarzinom gehört zu den seltenen Krebsarten, die Anzahl der verfügbaren Patientenproben ist gering. Daher sind Methoden, die das Biopsiematerial nicht konsumieren wichtig. Die NMR-Spektroskopie hat den Vorteil, dass sie nicht-invasiv ist. Die Forscher:innen konnten eine kombinierte Expressions- und NMR-Metabolom-Studie an Thymomen bzw. Thymuskarzinomen beenden und dazu beitragen, maligne Thymome besser zu klassifizieren und ein verbessertes Verständnis der Unterschiede zu gewinnen. So trugen die kombinierten Messungen dazu bei, ein konsistentes Bild der verschiedenen Tumorgruppen zu zeichnen.

Plattform für schnellere Methodenentwicklung

Um spezifische Methoden zur Analyse einer Vielzahl von Proteinen in Metabolismus und Signalweiterleitung mittels Massenspektrometrie-basierter Proteomforschung zu vereinfachen, entwickelten die Wissenschaftler:innen im Jahr 2020 die Plattform ‚STAMPS' (Simple Targeted Assays for Metabolic Pathways and Signaling). Diese beschleunigt die Entwicklung eines gezielten Assays, weil sich die Informationen dafür mithilfe der Software in Echtzeit auswerten lassen.

(SR) ■

Arbeitsgruppe
Bioresponsive Materials
Dr. Roland Hergenröder
T: +49 (0)231 1392-178
E: roland.hergenroeder@isas.de

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Arbeitsgruppe
Translationale Analytik
(vormals Standardisierung)
Dr. Dirk Janasek
T: +49 (0)231 1392-202
E: dirk.janasek@isas.de

4D-ANALYTIK

Wie viel von welcher Substanz ist wann an welchem Ort? Die Antwort auf diese Frage liefert die 4D-Analytik. Sie bildet am ISAS die technologische Basis für die umfassende Aufklärung pathologischer Prozesse. Das Institut entwickelt, verfeinert und kombiniert Messverfahren zu „vierdimensionalen" Analysemethoden, um damit simultan und zu jedem beliebigen Zeitpunkt Mengen und Arten verschiedener Stoffe sowie ihre Lokalisation innerhalb einer Probe zu bestimmen.

Bluttest gegen Arzneimittelallergien erhöht Patientensicherheit

Wie kommt man Arzneimittelallergien besser auf die Spur? Bisherige Diagnosemethoden wie Hauttests sind aufwendig und oft nur für wenige Wirkstoffe geeignet. Außerdem kann es in seltenen Fällen zu schweren allergischen Reaktionen kommen.

Im Gegensatz zu diesen Tests sind In-Vitro-Methoden (Laboruntersuchungen) ungefährlich, da Patienten dafür lediglich etwas Blut abgenommen werden muss. Beim Projekt ‚In-Vitro-Nachweis Arzneimittelallergien' (INA) arbeiten das ISAS, das Bundesinstitut für Arzneimittel und Medizinprodukte (BfArM), die Uniklinik RWTH Aachen und die Life & Brain GmbH Bonn daran, einen neuen, für Patient:innen sicheren und schnellen Bluttest zum Allergienachweis zu entwickeln.

(SR) ■

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Dieses Vorhaben wurde aus Mitteln des Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE) gefördert (Förderkennzeichen EFRE-0801772).

EUROPÄISCHE UNION
Europäischer Fonds für Regionale Entwicklung

EFRE.NRW
Investitionen in Wachstum und Beschäftigung

Die Handschrift von neuromuskulären Erkrankungen entziffern: Verbesserte Diagnose durch Gen- & Proteinsignaturen

Unter dem Begriff Neuromuskuläre Erkrankungen (NME) – im Volksmund Muskelschwund genannt – werden alle Krankheiten zusammengefasst, die das Zusammenspiel von Nerven und Muskeln beeinflussen. Sie können genetischer oder idiopathischer (ohne erkennbare Ursache) Natur sein, sind sehr selten und unheilbar. Charakteristisch für diese Erkrankungen, zu denen beispielsweise Polyneuropathien, Spinale Muskelatrophien oder die Duchenne-Muskeldystrophie gehören, sind eine progressive Schwäche der Skelettmuskulatur – häufig auch der Herz- oder Atemmuskulatur.

Dr. Andreas Hentschel untersucht Muster der Gen- und Protein-Co-Regulation, um den genetischen Defekt bei neuromuskulären Erkrankungen genauer als bisher möglich einzugrenzen.

Die Diagnose kommt oft erst spät, was die Therapie verzögert oder gar verhindert. Dies schränkt die Lebensqualität der Betroffenen ein und erhöht ihre Mortalität (Sterblichkeit). Um die derzeit limitierten Behandlungsmöglichkeiten zu verbessern, braucht es ein präziseres Verständnis der molekularen Ursachen dieser NME. Dabei können sogenannte Gen- und Proteinsignaturen die Diagnosestellung für NME-Patient:innen revolutionieren und die genetische Beratung verbessern. Am ISAS arbeiten daher verschiedene Arbeitsgruppen (Proteomics und Translationale Analytik) bei der NME-Forschung mit Hochdruck zusammen.

Vorhersage des genetischen Defekts & neue Klassifizierung

Die Forscher:innen verwenden Muskelbiopsien von Patient:innen und generieren daraus neue proteomische und morphologische Daten. Dafür verwenden sie Omics-Technologien (▸ S. 43). Im ersten Schritt quantifizieren sie die kausativen (also krankheitsverursachenden) Proteine, im zweiten Schritt gleichen sie die Messergebnisse mit den Resultaten der DNA-Analyse ab. Die Daten aus dem ISAS werden Teil eines Algorithmus. „Mithilfe dieses Algorithmus lassen sich zum ersten Mal Muster der Gen- und Protein-Co-Regulation bei NMEs bestimmen, um damit den krankheitsverursachenden ▸

genetischen Defekt wesentlich genauer einzugrenzen, wenn nicht sogar exakt vorherzusagen“, erklärt Dr. Andreas Hentschel, Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe Translationale Analytik. Dies erlaubt, in Zusammenhang mit der histologisch-biochemischen Charakterisierung durch die Biospektroskopie, eine neue Klassifikation der erblichen und erworbenen NME-Erkrankungen. Damit kann der zugrunde liegende Pathomechanismus, die Kausalkette der Körpervorgänge, die zur Krankheit führen, nachvollzogen werden. Dies ist vor allem für die Erprobung neuer Therapien wichtig.

Etablierter Ablauf & gesteigerte Effizienz

Im Jahr 2020 bearbeiteten die Forscher:innen ca. 300 Proben von Patient:innen zu unterschiedlichen genetisch bedingten neuromuskulären Erkrankungen und untersuchten davon anschließend 100 global-proteomisch. „Unser Jahresziel, die global-proteomischen Analysen abzuschließen, haben wir erreicht. Auch die Herausforderung, die Aufreinigung der Proben zügig anzupassen, da sie aus vielen verschiedenen Kliniken stammen, haben wir gemeistert“, resümiert Hentschel. Die massenspektrometrischen Messungen erfolgten dabei im ‚data independent acquisition‘ (DIA) Modus. Eine Auswertung dieser wurde von den Wissenschaftler:innen unter Anwendung der zuvor von ihnen erstellten Spektrenbibliothek durchgeführt. So war es ihnen möglich, im Vergleich zum bis dato gängigen Verfahren – der ‚data dependent acquisition‘ (DDA) – die Analyse-Effizienz um ca. 10 bis 40 Prozent zu steigern. Außerdem begannen die Wissenschaftler:innen, idiopathische NME-Erkrankungen weiter zu untersuchen. Ende des Jahres umfasste das Inventar bereits 140 Proben.

»Unser Jahresziel, die global-proteomischen Analysen abzuschließen, haben wir erreicht.«

Mittels CARS-Mikroskopie haben die ISAS-Forscher:innen seit dem Projektstart im Jahr 2019 mehr als 80 Patientenproben (insgesamt 160 Muskelbiopsieschnitte) verschiedener Krankheitseinheiten untersucht. Dabei haben sie Übersichts- und Detailmessungen vorgenommen. Von 73 Patientenproben konnten die Forscher:innen die Muskelfaserkaliber erfassen, von 40 Proben die Spektren auswerten und bei 34 Proben computergestützte Methoden verwenden. Diese umfassen die Darstellung von Intensitätsverhältnissen zwischen verschiedenen Wellenlängen und das nicht-lineare Unmixing (Entmischen) nach Heylen et al. Bei diesem Unmixing werden aus den Rohspektren, die meist Mischungen aus verschiedenen Substanzspektren sind, „reine“ Spektren entmischt, auf deren Grundlage die Abundanzen im Bild bzw. der Aufnahme dargestellt werden.

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Arbeitsgruppe Translationale Analytik
(vormals Standardisierung)
Dr. Dirk Janasek
T: +49 (0)231 1392-202
E: dirk.janasek@isas.de

Zielgerichtete Assays etabliert

Den Forscher:innen ist es gelungen, einen zielgerichteten Assay – einen standardisierten Reaktionsablauf zum Nachweis der Gen- und Proteinsignaturen – mittels LC-MS/MS (Flüssigchromatographie, liquid chromatography, in Verbindung mit der Massenspektrometrie) zu etablieren, der eine hohe Sensitivität und Spezifität aufweist. Parallel dazu entwickelten die Forscher:innen eine weitere Methode, welche die Messzeit erheblich verkürzt. Sie haben beide Assays bereits an Patientenproben angewandt, um die Regulierung von 74 neuromuskulär relevanten Proteinen zu detektieren. Außerdem bearbeiteten sie im Jahr 2020 weitere 110 Proteine der insgesamt 380 bekannten Proteine von neuromuskulärer Relevanz. Die Wissenschaftler:innen haben die Vorauswahl und Verifizierung der proteotypischen Peptide dieser Proteine bereits abgeschlossen und konnten 2020 mit der Synthese der isotopisch markierten Standardpeptide beginnen.

(PJ) ■

OMICS-TECHNOLOGIEN

Mit dem Begriff Omics bezeichnet die Forschung molekularbiologische Methoden, beispielweise Genomics, Lipidomics, Metabolomics oder Proteomics, mit denen sich Biomoleküle aus Gewebeproben oder anderen biologischen Proben auf globaler Ebene untersuchen lassen. Omics-Technologien sind ein wichtiger Ansatzpunkt in der personalisierten Medizin (Präzisionsmedizin), da sie große Datenmengen produzieren, die Aufschluss über Krankheitsvorgänge und mögliche Therapieansätze liefern.

Das Projekt ‚Gen und Protein-Signaturen als GPS für Patienten mit Neuromuskulären Erkrankungen‘ wurde vom Land Nordrhein-Westfalen unter Einsatz von Mitteln aus dem Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE) 2014-2020 „Investitionen in Wachstum und Beschäftigung“ gefördert (Förderkennzeichen EFRE-0801301).

EUROPÄISCHE UNION
Europäischer Fonds für Regionale Entwicklung

EFRE.NRW
Investitionen in Wachstum und Beschäftigung

Gegen den Strom: Ein Weg zurück zur Grundlagenforschung

Suyuan Chen (30) ist chemischer Biologe und hat sich auf chemische Proteomik spezialisiert. Nach seinem Abschluss am Chengdu Institute of Biology (Chinesische Akademie der Wissenschaften) in organischer Chemie und medizinischer Chemie begann er 2017 seine Promotion am ISAS. Was seine Arbeit in Dortmund ausmacht und wonach er sich aktuell sehnt, berichtet der Gastwissenschaftler im Interview.

Du gehörst zur Arbeitsgruppe Proteomics. Woran forschst du derzeit?

Chen: In unserer Arbeitsgruppe entwickeln wir chemische Analysewerkzeuge, mit denen sich post-translationale Modifikationen von Proteinen erforschen lassen. Außerdem arbeiten wir an der Bildgebung von Biomarkern und erstellen sogenannte Target-Profile (Angriffspunkte) für therapeutische Zwecke. Darunter versteht man krankheitsverursachende Moleküle, an denen Medikamente andocken können. Wir arbeiten auch daran, Off-Targets zu identifizieren. Das sind Bindungsstellen, mit denen Arzneimittelwirkstoffe interagieren, obwohl sie dafür eigentlich nicht gedacht waren. Die Informationen zu Off-Targets können uns dabei helfen, Nebenwirkungen und schwerwiegende Folgen für Patient:innen schon früh in der Medikamentenentwicklung zu vermeiden. Aktuell entwickle ich beispielsweise eine multifunktionale Analysemethode für die Brustkrebsdiagnose.

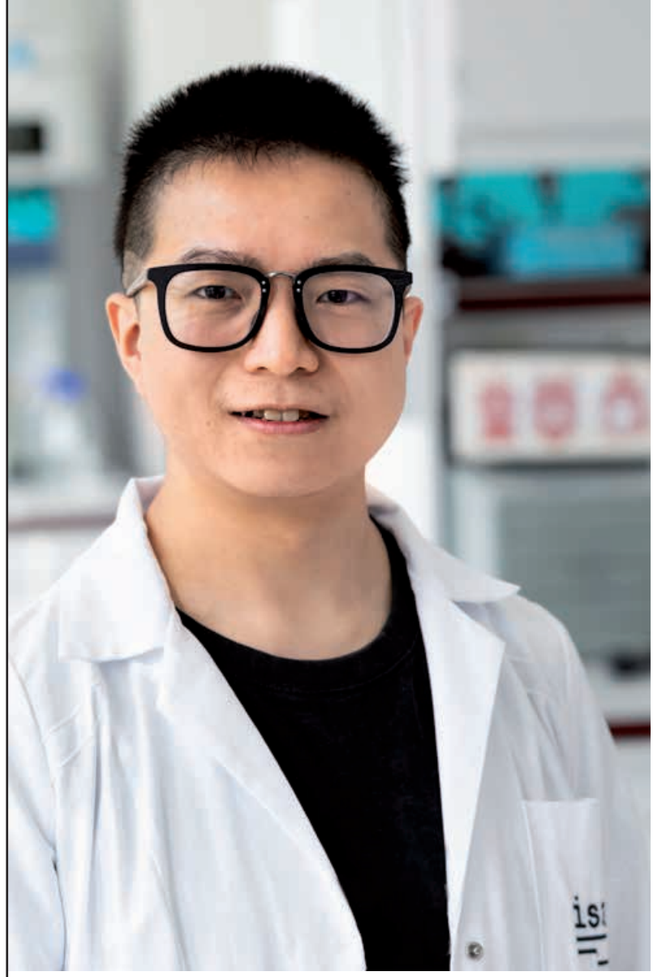
Warum hast du dich für eine Promotion am ISAS entschieden?

Chen: Eines der interdisziplinären Projekte des ISAS, bei dem es um die Kartierung von Medikamentenbindungsstellen und Off-Targets geht, hat mich fasziniert! Deswegen habe ich mich bei der chinesischen Regierung um ein Stipendium beworben. Teil eines interdisziplinären Projekts zu sein und mit Biolog:innen, Chemiker:innen und Bioinformatiker:innen zusammenzuarbeiten, ist eine der schönsten Seiten meiner Arbeit am Institut.

»Den Geschmack meiner Heimat kann ich nirgendwo anders finden.«

Wie sieht ein typischer Tag am ISAS Campus bei dir aus?

Chen: Morgens überwache ich im Labor die Synthese chemischer Sonden und nachmittags messe ich biologische Proben mit dem Massenspektrometer, genauer gesagt mit dem Orbitrap™. Abends steht noch die Analyse der Profiling-Daten an. Die Arbeit an einem so interdisziplinären Projekt fordert mich. Man muss gut im Team funktionieren, jederzeit den Mut haben, etwas Neues zu lernen und vor allem offen für andere Sichtweisen sein. Das ist alles natürlich eine Herausforderung, bereitet mir aber auch sehr viel Spaß.



Suyuan Chen kommt aus Mianyang, einer Stadt in der Provinz Sichuan, deren regionale Küche für ihre Schärfe und Vielfalt an Aromen bekannt ist. Seit der Pandemie hat er seine Familie nicht mehr besuchen können und hält deswegen per Videoanruf den Kontakt.

Sein ungewöhnlicher Karriereweg führte Doktorand Suyuan Chen aus China nach Dortmund, zur anwendungsorientierten Grundlagenforschung. Am ISAS beschäftigt er sich mit chemischen Analysewerkzeugen.

Unterscheidet sich deine wissenschaftliche Arbeit hier von der in China?

Chen: Bevor ich an die Chinesische Akademie der Wissenschaften kam, habe ich Pharmazeutische Technik studiert. Danach war ich medizinischer Chemiker und habe in einer gemeinsamen Abteilung der Chinesischen Akademie der Wissenschaften und eines lokalen Pharmaunternehmens (Chengdu Di'ao Pharmaceutical Group Co. Ltd.) gearbeitet. Dort habe ich mich vor allem auf den klinischen Bedarf in China konzentriert und

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Krebstherapien entwickelt. In Dortmund identifiziere ich Targets für Krebstherapien. Diese anwendungsorientierte Grundlagenforschung ist die wissenschaftliche Vorstufe von dem, woran ich in China gearbeitet habe. Man könnte sagen, ich schwimme wie ein Lachs gegen den Strom, zurück zur Quelle. In meinem Fall zur Grundlagenforschung. Meine Erfahrungen aus beiden Bereichen ermöglichen es mir, die Dinge aus einem anderen Blickwinkel zu sehen. Für meine Arbeit ist dieses Wissen sehr hilfreich.

Gibt es etwas aus deiner Heimat, das du in Deutschland vermisst?

Chen: Hot-Pot und Mianyang-Reisnudeln! Ich bin in einer sehr ‚würzigen' Stadt geboren. Den Geschmack meiner Heimatstadt Mianyang kann ich nirgendwo anders finden.

Du bist Mitglied der Chinesisch-Deutschen Chemikervereinigung (CGCA). Eines der Ziele der CGCA ist es, die Wissenschaftskommunikation unter ihren Mitgliedern zu fördern. Wie wichtig ist Wissenschaftskommunikation für dich persönlich?

Chen: Wissenschaftskommunikation ist sehr wichtig und aus meinem beruflichen, aber auch privaten Alltag kaum wegzudenken. Da ich biomedizinische Forschung betreibe, fragen mich seit der Pandemie auch Freund:innen um Rat, ob sie eine Maske tragen oder vorsorglich Chloroquin, einen Wirkstoff aus der Gruppe der Malaria-Medikamente, einnehmen sollen. Die Pandemie verunsichert die Menschen, die Nachfrage nach wissenschaftlich fundierten Antworten ist groß. Aber auch losgelöst von der jetzigen Ausnahmesituation: Wissenschaftskommunikation kann die öffentliche Wertschätzung und das Verständnis für die Wissenschaft erhöhen. Als Forscher:innen sollten wir also Wert auf eine gute Kommunikation unserer Arbeit und den Dialog mit der Öffentlichkeit legen.

»Als Forscher:innen sollten wir Wert auf den Dialog mit der Öffentlichkeit legen.«

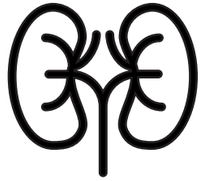
Du bleibst bis September 2021 in Dortmund – was sind deine Pläne für die Zeit danach?

Chen: Eine Idee unserer Arbeitsgruppe hat das European Proteomics Infrastructure Consortium providing access (EPIC-XS) gefördert, deswegen ist ein Forschungsaufenthalt in den Niederlanden geplant. Grundsätzlich möchte ich gerne ab Herbst 2021 als Postdoc in Deutschland oder Europa weiterarbeiten, weil ich die hiesigen Voraussetzungen für Wissenschaftler:innen schätze.

(CPM / SR) ■

Optimierung der Anämie-Therapie für Patient:innen mit chronischer Nierenerkrankung

Immer mehr Menschen leiden an chronischen Nierenerkrankungen (chronic kidney disease, CKD). Mehr als zehn Prozent der Bevölkerung hierzulande – rund 8,3 Millionen Menschen – sind von CKD betroffen.



Die eingeschränkte Nierenfunktion führt bei vielen Patient:innen zu einer Blutarmut. Ursache dieser renalen Anämie ist eine verringerte Produktion des Hormons Erythropoietin (Epo), das für die Bildung von Erythrozyten (rote Blutkörperchen) zuständig ist. So kommt es bei CKD-Betroffenen auch zu Entzündungen und Eisenmangel. Bislang erhalten Patient:innen zur Therapie Epo oder andere sogenannte Erythropoese-Stimulatoren (ESA). Doch besonders diejenigen mit fortgeschrittener CKD haben bei diesen Medikamenten ein hohes Risiko für eine Thrombose, einen Herzinfarkt oder Schlaganfall. Beim Therapieerfolg spielen individuelle Faktoren der Patient:innen eine große Rolle. Um die Anämie-Behandlung zu verbessern, entwickeln Forscher:innen beim Projekt ‚Modellbasierte Optimierung der Anämiebehandlung für den einzelnen Patienten mit chronischer Nierenerkrankung' (NephrESA) ein Computermodell, mit dem sich Risiken und Prognosen für die Medikation bei jedem:r einzelnen Betroffenen ermitteln lassen. Ziel ist es, mit diesem Wissen eine personalisierte und letztlich verbesserte Anämie-Behandlung von Nierenkranken zu ermöglichen.

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Ergebnisse aus der Analytik finden mithilfe des Computermodells Zugang in die klinische Anwendung

Um die Anwendung und Dosierung Epo-haltiger Arzneimittel zu optimieren und künftig besser individuell auf Patient:innen anpassen zu können, untersuchen Wissenschaftler:innen am ISAS zunächst die Komplexität der Wechselwirkungen, Entzündungsprozesse, Veränderungen in der Regulation des Eisenstoffwechsels sowie beispielsweise die Thrombosegefahr bei CKD-Betroffenen. Das Wissen soll anschließend in mathematische Modelle einfließen, damit Ärzt:innen zukünftig belastbare und individuell auf Anämie-Patient:innen zugeschnittene Therapievorhersagen treffen können.

NephrESA wird durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert und von Prof. Dr. Timmer (Albert-Ludwigs-Universität Freiburg) koordiniert. Kooperationspartner sind das Deutsche Krebsforschungszentrum (DKFZ) in Heidelberg mit Prof. Dr. Ursula Klingmüller, das Universitätsklinikum Heidelberg mit Prof. Dr. Martina Muckenthaler, das Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf (UKE) mit Prof. Dr. Tobias Huber und das ISAS.

(SR) ■

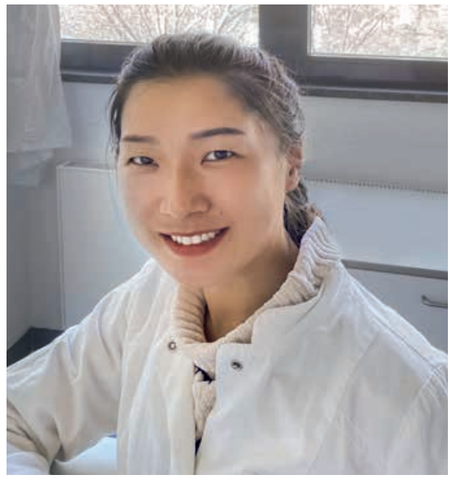
GEFÖRDERT VOM

Bundesministerium für Bildung und Forschung

Dieses Projekt wurde vom Bundesministerium für Bildung und Forschung im Rahmen des Bundeshaushaltes gefördert (Förderkennzeichen 031L0191D).

Doktorand:innen sind der Thrombo-Inflammation auf der Spur

Der demografische Wandel stellt die Gesundheitssysteme weltweit vor eine große Herausforderung. Mit zunehmendem Alter steigt das Risiko für viele gesundheitliche Leiden, so auch für eine der laut Weltgesundheitsorganisation Haupttodesursachen weltweit: Herz-Kreislauf-Erkrankungen.



Pengyu Zhang nimmt für ihre Promotion an ‚TICARDIO' teil. Für das ISAS arbeitet sie an Testverfahren, mit denen man das Tyrosin-Protein-Kinase Syk quantifizieren kann.

This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No. 813409.

EUROPÄISCHE UNION
Europäischer Fonds für Regionale Entwicklung

Wenn das fein abgestimmte Zusammenspiel der Zellen im Blutgefäßsystem gestört wird, kann das Entzündungen und Blutgerinsel (Thrombosen) begünstigen. Das europäisch geförderte Gemeinschaftsprojekt ‚TICARDIO' (Thrombo-inflammation in cardiovascular disease) erforscht seit Ende 2019 diese beiden bisher unabhängig voneinander untersuchten Prozesse erstmals gemeinsam unter dem Begriff ‚Thrombo-Inflammation'. Der bei diesem Projekt verfolgte Ansatz konzentriert sich auf die Schlüsselinteraktionen zwischen Gefäßwand und Blut, die eine entscheidende Rolle in pathologischen Prozessen bei Herz-Kreislauf-Erkrankungen spielen. Langfristig wollen die Forscher:innen neue Zielmoleküle (Targets) für Medikamentenwirkstoffe und spezifische diagnostische Marker finden. Unter Leitung von Prof. Dr. Albert Sickmann und dem Mentoring durch Dr. Fiorella Solari unterstützt das ISAS für drei Jahre mit dem Forschungsprogramm Krankheitsmechanismen und Targets dazu die Forschung von zwei Doktorandinnen.

Thrombozytenregulierung in der Thrombose verstehen

In gesunden Gefäßen produzieren Endothelzellen Stoffe, die an der Regulation des Blutdrucks und der Fließfähigkeit des Blutes beteiligt sind. Um diese Prozesse und ihre Rolle bei der Thromboseentstehung besser verstehen zu können, beschäftigt sich Pengyu Zhang für das ISAS mit der proteomischen Untersuchung von menschlichen Blutplättchen, den Thrombozyten. „Ich konzentriere mich auf die endothelial-abgeleiteten inhibierenden und aktivierenden Wege von Thrombozyten in der Thrombose", erläutert Zhang. Sie will einen phospho-gezielten Massenspektrometrie (MS)-basierten Assay (Test) entwickeln, mit dem sie Schlüsselmediatoren dieser Wege, wie die Tyrosin-Protein-Kinase Syk, quantifizieren kann. 2020 konnte sie bereits das Gesamt-Syk-Protein und drei verschiedene phosphorylierte Stellen nachweisen. In Zukunft soll eine optimierte Aufreinigung der Kinase für die massenspektrometrische Analyse den Workflow weiter verbessern. Ein weiteres Ziel der Wissenschaftlerin ist es, die verschiedenen Varianten der Phosphorylierungsstellen mithilfe der Ionenmobilitätsspektrometrie zu untersuchen.

Entwicklung eines Gefäß-auf-einem-Chip-Modells

Das zweite TICARDIO-Projekt, an dem sich das ISAS beteiligt, widmet sich der Entwicklung eines entzündlichen Gefäß-auf-einem-Chip-Modells. Das Projekt soll Aufschluss darüber geben, wie Endothelzellen die Thrombusbildung und Gerinnung beeinträchtigen. Die Wissenschaftler:innen am Cardiovascular Research Institute Maastricht (CARIM) der Universität Maastricht gehen davon aus, dass die wechselseitige Verstärkung von dysfunktionalen Thrombozyten und Endothelzellen zu thrombo-inflammatorischen Erkrankungen beitragen. 2020 konnten sie ein reproduzierbares Modell etablieren, das es ermöglicht, die Thrombusbildung und Gerinnung im Blut in Anwesenheit von Endothelzellen zu erforschen. Die Forscher:innen konnten akute Entzündungssituationen imitieren und mittels konvokaler Multicolor-Mikroskopie untersuchen. Sie hoffen, in Zukunft auch Erfolg bei milden entzündlichen Einstellungen wie der Atherosklerose zu haben. Dazu wollen sie die chronischen Gefäßerkrankungen nicht nur simulieren, sondern auch anschließend mit Flüssigchromatographie-Massenspektrometrie Unterschiede auf der Proteomebene erkennen.

(CPM) ■

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Über TICARDIO

TICARDIO ist ein europäisch gefördertes „Innovative Training Network" (ITN) für die gemeinschaftliche Ausbildung von Doktorand:innen. Das ITN bietet 15 naturwissenschaftlichen Promovierenden die Gelegenheit, wissenschaftliche und allgemeine Kompetenzen innerhalb eines grenzüberschreitenden Netzwerks auszubauen. Ziel der Variante EJD (European Joint Doctorate) ist die Verleihung eines gemeinsamen Doktorgrads sowie die multidisziplinäre und intersektorale Zusammenarbeit der beteiligten Einrichtungen in der Doktorandenausbildung. Das Netzwerk wird vom Centrum für Thrombose und Hämostase (CTH) der Universitätsmedizin Mainz koordiniert; außer dem ISAS gehören das Cardiovascular Research Institute Maastricht (CARIM), Niederlande, und die Universität Aix-Marseille, Frankreich, zu den akademischen Partnern. Die Europäische Kommission fördert das ITN als Marie-Skłodowska-Curie-Maßnahme über 48 Monate mit vier Millionen Euro.

NACHWUCHS-FÖRDERUNG

So nah wie auf diesem Foto ist Thibaut Vignane der Internationalen Raumstation noch nicht. Seinem Traum allerdings, Menschen für die Raumfahrt in einen Winterschlaf zu versetzen, könnte er mithilfe seiner Forschung näherkommen.

„Ich möchte dabei helfen, den menschlichen Körper in einen Winterschlaf zu versetzen“

Am Wissenschaftsstandort Deutschland schätzt Vignane die Interdisziplinarität sowie den Zugang zu modernsten Forschungsinstrumenten und -methoden. Außer einer Schwäche fürs Alter hat er in seiner Freizeit eine Vorliebe für Schlagzeug und Saxofon – beide Instrumente spielt er selbst.

ERC-Gruppe Sulfaging
Dr. habil. Milos Filipović
T: +49 (0)231 1392-4173
E: milos.filipovic@isas.de

Thibaut Vignane (24) aus Lyon in Frankreich arbeitet seit Oktober 2020 als Doktorand in der ERC-Gruppe Sulfaging. Bevor der Biologe nach Dortmund kam, studierte er an der Universität Bordeaux. Thema seiner Dissertation ist die Rolle der sogenannten Protein-Persulfidierung in Alterungsprozessen. Vignanes Ziel ist es, die molekularen Mechanismen, mit denen die Persulfidierung die Alterung der menschlichen Zellen kontrolliert, näher zu beleuchten. Was dies mit der Raumfahrt zu tun hat, erläutert er im Interview.

Wie bist du zu deinem Forschungsgebiet gekommen?

Vignane: Während meines Bachelorstudiums habe ich ein Praktikum bei PD Dr. Milos Filipović gemacht. So habe ich den Forschungsbereich Schwefelwasserstoff und Persulfidierung entdeckt. Parallel wuchs mein Interesse an der Genetik. Es hat mich sehr gefreut, dass Miloš Filipović mir anbot, meine damals neu entdeckte Leidenschaft für die Genetik mit dem Gebiet von H_2S, wie wir Schwefelwasserstoff nennen, und dem Altern zu kombinieren. So kam ich dazu, meine Masterarbeit über dieses Thema zu schreiben.

Welches Ziel verfolgst du mit deiner Forschung?

Vignane: Ich interessiere mich generell für Molekularbiologie und dafür, die Mechanismen zu verstehen, mit denen Zellen ihre Funktionen regulieren können. Ganz besonders interessiert es mich, mehr über die spezifischen Mechanismen des Alterns auf molekularer Ebene zu erfahren. Da Altern eine Mischung aus sehr komplexen und miteinander verbundenen Mechanismen ist, ist seine Erforschung sehr herausfordernd – aber genau das ist es, was mein Interesse zusätzlich befeuert.

Was ist das genaue Thema deiner Arbeit am ISAS?

Vignane: Da das Feld der Altersforschung sehr groß ist, konzentriere ich mich bei meiner Arbeit momentan auf zwei Aspekte: Der erste ist die Veränderung des Persulfidierungsgrades während des Alterns. Persulfidierung ist die posttranslationale Modifikation des Cystein-Restes, der eine Rolle bei der Alterung spielt. Der zweite Aspekt ist die Rolle der Proteinpersulfidierung auf den Telomerabnutzungsprozess, der während des Alterns auftritt.

Führst du auch Tierversuche durch?

Vignane: Wir arbeiten mit Ratten und Mäusen, allerdings in Zusammenarbeit mit anderen Arbeitsgruppen. Zurzeit untersuchen wir Veränderungen im Persulfidom im alternden Gehirn von Mäusen. Außer mit Mäusen arbeite ich auch mit Caenorhabditis elegans, einem Wurm, der häufig zur Untersuchung des Alterns eingesetzt wird. Wegen seines relativ kurzen Lebens und weil er durchsichtig ist, verkörpert er den perfekten Modellorganismus für unsere Analysen.

Was erhoffst du dir, mit deinen Forschungsergebnissen zu erreichen?

Vignane: Die gewonnenen Erkenntnisse könnten zu einem enormen Fortschritt in vielen Bereichen führen, weil sie helfen könnten, einige seltene Krankheiten zu heilen. Meiner Meinung nach sind seltene Erkrankungen genauso wichtig wie Volkskrankheiten, für die mehr Forschung betrieben wird. Im Moment arbeitet unsere Gruppe an einer sehr seltenen Krankheit namens Werner-Syndrom (WS). WS ist die häufigste der vorzeitigen Alterungserkrankungen. Wir glauben, dass H_2S eine wichtige Rolle bei der Behandlung dieser beschleunigten Alterungserkrankung spielen könnte.

Mein größter Wunsch ist, dass meine Arbeit ein besseres Verständnis dafür ermöglicht, wie H_2S den schlafähnlichen Zustand in unserem Körper steuert. Eines Tages möchte ich mit meiner Forschung dabei helfen, den menschlichen Körper in eine Art Winterschlaf zu versetzen und den Traum von der Raumfahrt zu Erholungszwecken zu erfüllen.

(PJ) ■

PhD-Workshops: Aufstieg im Aufzug

Mit Maske und viel frischer Luft, aber vor Ort. So konnten vom 23. bis 25. September, unter den damaligen Auflagen der Coronaschutzverordnung, die PhD-Workshops für 16 Doktorand:innen am ISAS stattfinden.

Die Veranstaltung ist Teil des institutseigenen Graduiertenprogramms. Ziel des auf drei Jahre verteilten Curriculums ist der Erwerb grundlegender Kenntnisse für interdisziplinäres wissenschaftliches Arbeiten in einem internationalen Kontext. Außer ethischer und rechtlicher Prinzipien wie den „Regeln guter wissenschaftlicher Praxis“ oder dem Schutz geistigen Eigentums, lernen die Teilnehmer:innen die Kommunikation der eigenen Forschungsergebnisse und erlangen Kenntnisse zur interkulturellen Zusammenarbeit. Jedes Jahr bewerten die Doktorand:innen die Workshops und externen Referent:innen: „So können wir die Seminarinhalte möglichst passgenau auf unsere Promovierenden zuschneiden und aktuelle Entwicklungen gut integrieren“, erläutert Wiebke Bartels, Referentin für Personalentwicklung.

2020 ging es bei den Seminaren für Doktorand:innen des zweiten Promotionsjahrs um wissenschaftliches Schreiben, Projektmanagement sowie Patentrecht und -recherche. Besonders der Workshop ‚Scientific Writing‘ überzeugte den wissenschaftlichen Nachwuchs. „In kurzer Zeit haben wir viele Tipps zum Sprachgebrauch und für das Verfassen englischer Fachtexte erhalten und gemeinsam geübt. Der Kurs war dabei nicht nur lehrreich, sondern auch unterhaltsam“, resümiert Alexander Knodel. Obwohl wegen der Pandemie Gruppenarbeit kaum möglich war, zieht Knodel für die Präsenzveranstaltung eine positive Bilanz.

Besonders beliebt: Elevator Pitch

Für Promovierende im dritten Jahr bot das ISAS Kurse zur Karriereentwicklung, „Proposal Writing“ und „Elevator Pitch“ an. Das Training für eine Präsentation in der Länge einer Fahrt im Aufzug kam bei den Teilnehmer:innen am besten an. „Wir haben gelernt, unser Forschungsthema – auch für Laien verständlich – schnell auf den Punkt zu bringen“, sagt Julia Lill. Zwar sei es zuerst etwas ungewohnt gewesen, beim Pitch gefilmt zu werden und die eigene Aufnahme anschließend gemeinsam zu analysieren. Doch das Feedback der Trainerin und der Austausch in der Gruppe seien sehr wertvoll gewesen.

Strukturierte Doktorandenausbildung am ISAS

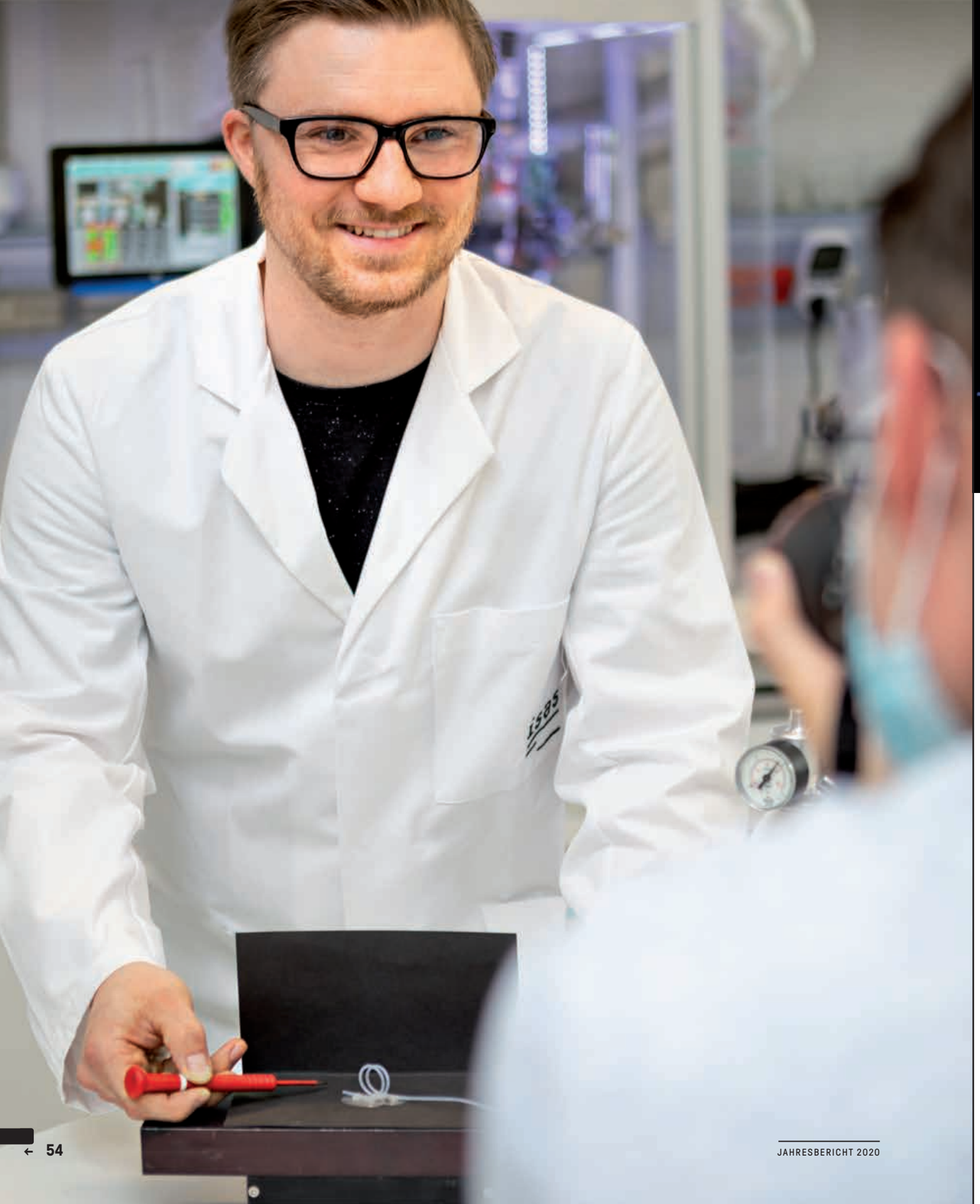
Das Curriculum der Strukturierten Doktorandenausbildung am ISAS umfasst in den ersten drei Jahren der Promotionsphase zehn Workshops, eine Informationsveranstaltung zur Karriereplanung, eine interne „Lab-Rotation“ und optional einen promotionsbezogenen Aufenthalt bei einer Forschungseinrichtung im Ausland. In der Endphase stehen der Abschluss der Arbeiten und die Promotionsschrift im Fokus. Die Dauer einer Promotion am ISAS hängt vom Fachbereich ab und beträgt im Mittel dreieinhalb bis viereinhalb Jahre. Allerdings verlaufen der Fortschritt in den Arbeiten für eine Promotion und die Anforderungen der strukturierten Doktorandenausbildung nicht immer linear. „Solange die Wissenschaflter:innen das Curriculum in den ersten drei Jahren ihrer Promotionsphase absolvieren, sind wir, schon aus organisatorischen Gründen, flexibel. 2020 gab es beispielsweise nur drei Promovierende aus dem ersten Jahr, daher haben diese die Kurse des zweiten Promotionsjahrs besucht. Nächstes Jahr wird getauscht“, sagt Bartels.

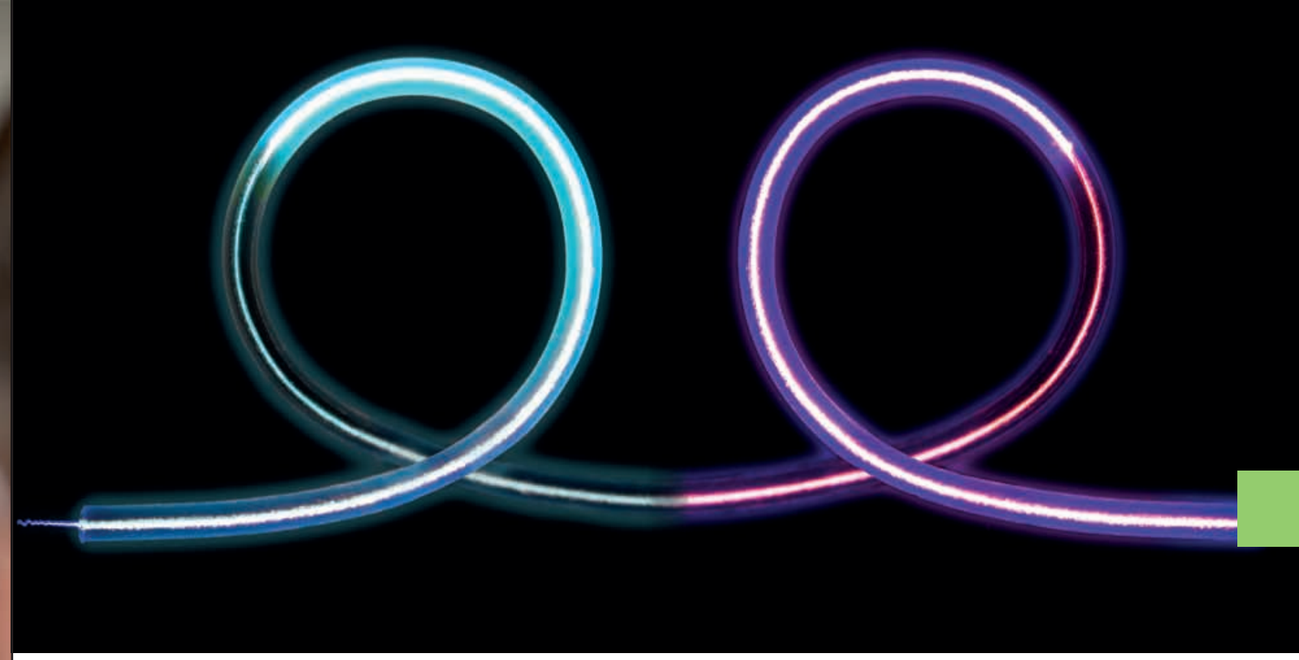
(PJ) ■

Auf Abstand und mit Maske, aber zumindest gemeinsam vor Ort, durfte 2020 der PhD-Workshop stattfinden.

Oben: Wiebke Bartels, Referentin für Personalentwicklung.
Unten: Julia Lill, Doktorandin in der Arbeitsgruppe Bio-Fluorescence.

»Wir haben gelernt, unser Forschungsthema – auch für Laien verständlich – schnell auf den Punkt zu bringen. «





V.l.: Das Flexible Microtube Plasma im Einsatz mit den Edelgasen Argon und Helium.

Was passiert hier, Herr Dr. Brandt?

Das Foto entstand im September 2020 in einem der Labore am ISAS City. Es zeigt meinen Kollegen, Daniel Foest, und mich, während ich für das Coverfoto meiner Dissertation demonstriere, wie vielseitig unser hoch miniaturisiertes, flexibles Mikroröhrenplasma ist. Während meiner Promotion habe ich an einer neuen, leistungsfähigen Ionisierungsquelle geforscht. Entstanden ist das Flexible Microtube Plasma (FμTP), das erstmals in Kombination mit einem Nano-Elektrospray die Probenzufuhr und Ionisierung in einem Aufbau vereint. Das FμTP, in unserer Arbeitsgruppe auch Looping Plasma genannt, ist zwar stark miniaturisiert, aber dennoch robust sowie vielseitig und sicher einsetzbar. Außerdem ist es mit verschiedenen Entladungsgasen wie Argon, Stickstoff oder Helium kompatibel. Komplexe Proben mit zahlreichen Analyten, darunter beispielsweise Cholesterin, lassen sich mit dem FμTP effizient analysieren. Die Erfindung haben wir zum Patent angemeldet.

Dr. Sebastian Brandt,
Postdoc Miniaturisierung

Arbeitsgruppe Miniaturisierung
PD Dr. Joachim Franzke
T: +49 (0)231 1392-174/199
E: joachim.franzke@isas.de

Adriana Schneider will die Proteomanalyse effizienter machen

Für ihre Masterarbeit steht Adriana Schneider regelmäßig im Labor. Dort sitzt bei der 30-Jährigen jeder Handgriff.

Mehr praktische Erfahrung in der Wissenschaft sammeln, das ist das Ziel von Adriana Schneider, Masterstudentin im Studiengang Bioingenieurwesen. In einer Vorlesung der TU Dortmund lernte sie das ISAS kennen und entschied sich dazu, ihre Abschlussarbeit hier zu schreiben. Seit November 2020 ist die Japanbegeisterte 30-Jährige nun Teil der Arbeitsgruppe Proteomics und verbringt täglich sechs bis acht Stunden im Labor.

Schneider beschäftigt sich mit der Optimierung der Analyse von biologischen Proben. Für ihre Masterarbeit forscht sie an Verfahren zur Proteomanalyse, die auf der Verbindung von Flüssigchromatographie mit Massenspektrometrie (LC-MS) basieren.

Schnelle Analyse und ein hoher Probendurchsatz

Da ein hoher Durchsatz etwa bei der Analyse klinischer Proben sowie in der Arzneimittelforschung wichtig ist, will Schneider herausfinden, welche Kombinationen aus LC-MS-Methoden und Akquisitionszeiten die qualitativ hochwertigsten Ergebnisse bei möglichst kurzen Messzeiten liefern. Dafür berücksichtigt sie alle Analyseschritte: Die Vorbereitung der Proben, die Handhabung und Wartung der LC-MS Systeme und die Auswertung der Messungen gehören zum Arbeitsalltag der Nachwuchswissenschaftlerin. Im Anschluss untersucht sie die gewonnenen Daten auf ihre analytische Tiefe, also die Qualität, und schaut ob die Ergebnisse reproduzierbar sind. Durch ihre Forschung erhofft sie sich, dazu beitragen zu können, den Probendurchsatz in der klinischen und biomedizinischen Forschung zu erhöhen.

Für die Abgabe ihrer Arbeit strebt Schneider den Sommer 2021 an. Danach möchte die Dortmunderin nicht nur gerne ihre Japanischkenntnisse ausbauen, sondern auch weiterhin in der Bioanalytik arbeiten.

(CPM) ■

Arbeitsgruppe Proteomics
(vormals Protein Dynamics)
Prof. Dr. Albert Sickmann
T: +49 (0)231 1392-100
E: albert.sickmann@isas.de

Was ist deine Aufgabe als Praktikant, Christopher?

Christopher Borg gefiel sein Praktikum so gut, dass er danach seine Arbeit am ISAS als studentische Hilfskraft fortgesetzt hat.

Christopher Borg (24) studiert Umweltmonitoring und forensische Chemie an der Hochschule Hamm-Lippstadt. Bei seinem Praxissemester am ISAS hat er in der Arbeitsgruppe Miniaturisierung den Einfluss des Innendurchmessers einer für das Flexible Microtube Plasma (FμTP) entwickelten Ionisierungskammer für die Ionenmobilitätsspektrometrie untersucht.

Am ISAS arbeite ich daran... ein miniaturisiertes Plasma als Ionenquelle für die Ionenmobilitätsspektrometrie einzusetzen.

Im Labor ist es mir schon mal passiert, dass... ich nicht vorsichtig genug war und ein paar Dinge über den Haufen geworfen habe. Danach war ich dann richtig wach.

Mein Highlight jeden Tag ist... der Kaffee am Morgen, der auch die größte Konstante ist – weil mich im Labor täglich Neues erwartet.

Praktikant:in bis Postdoc – frühe Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses

Um junge Forscher:innen zu fördern, hat das ISAS Programme etabliert, die alle Stufen der wissenschaftlichen Laufbahn umfassen: Die Angebote richten sich an Bachelor- und Masterstudierende, beinhalten ein Strukturiertes Graduiertenprogramm für Doktorand:innen sowie Weiterbildungsmöglichkeiten für Postdocs.

Außerdem fördert das Institut die Karrierechancen exzellenter Nachwuchswissenschaftler:innen, indem es ihnen mittels Nachwuchsgruppen die Leitung von Forschungsprojekten ermöglicht. Die möglichst frühe Verantwortung als Führungskraft soll insbesondere die Nachwuchskräfte unterstützen, die eine weitere berufliche Laufbahn in der Wissenschaft anstreben.

Bei der Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses steht das Institut im Austausch mit den Hochschulen, mit denen es in Forschung und Lehre kooperiert: Mit der Technischen Universität Dortmund, der Ruhr-Universität Bochum, der Universität Duisburg-Essen, der Universität Bielefeld und der Technischen Universität Berlin arbeitet das ISAS eng zusammen.

Das CARS-Mikroskop ist eines der Instrumente, mit denen Wissenschafler:innen wie Prof. Dr. Anika Grüneboom im Forschungsprogramm Bio-Imaging arbeiten.

BIO-IMAGING

Moderne bildgebende Verfahren gelten längst als eine Schlüsseltechnologie für eine erstklassige medizinische Forschung. Am ISAS konzentriert sich das Forschungsprogramm ‚Bio-Imaging' auf die Bildgebung der zeitlichen und räumlichen Moleküldynamik in der einzelnen Zelle bis hin zu Organen.

So verfolgen die Wissenschaftler:innen beispielsweise mithilfe der Lichtblatt-Fluoreszenzmikroskopie (Light Sheet Fluorescence Microscopy, LSFM), Raman-Mikroskopie und Coherent Anti-Stokes

Raman Scattering (CARS)-Mikroskopie die Validierung von Biomarkern, um die Früherkennung verschiedener Erkrankungen wie Herz-Kreislauf-Erkrankungen oder Autoimmunerkrankungen zu beschleunigen. Damit die Ergebnisse dieser Grundlagenforschung später in die Klinik translatierbar sind – sich vom Labor in die Patientenversorgung übertragen lassen –, besteht unter anderem eine enge Zusammenarbeit mit dem Institut für Experimentelle Immunologie & Bildgebung am Universitätsklinikum Essen. Ferner arbeiten die ISAS-Forscher:innen tier- und humanexperimentell, nehmen Messungen an intakten Organen vor und integrieren Künstliche Intelligenz bei ihren Bildanalysen.

CARS-Gruppe beendet Arbeiten erfolgreich

Von 2015 bis 2020 war auch eine über den Leibniz Research Cluster gegründete und über das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderte Nachwuchsgruppe am Forschungsprogramm beteiligt. Die Gruppe CARS-Mikroskopie um Dr. Erik Freier schloss ihre Arbeiten im vergangenen Jahr erfolgreich ab. Sie hatte die Aufgabe, Methoden zur Messung von komplexen Metaboliten und Enzymaktivitäten in geringsten Flüssigkeitsmengen auf Basis der CARS-Mikroskopie zu entwickeln. Forschungsschwerpunkte waren eine Online-Analytik mit zerstörungsfreien, hilfsweise zerstörungsarmen Techniken. Beispielhaft seien hier die entwickelten analytischen Methoden mit Kapillarelektrophorese (CE) und mikrofluidischer Frei-Fluss-Elektrophorese-Massenspektrometrie (µFFE-MS) erwähnt. Dabei handelt es sich um Basistechnologien, die eine direkte Online-Analytik mit minimalem Probenverbrauch und eine zeitgleiche Aufreinigung bzw. Auftrennung der Proben ermöglichen. Mithilfe der Online-Analytik lassen sich Fehler im Ablauf sofort erkennen und gegebenenfalls beheben, ohne dass eine ganze Produktcharge im Nachhinein vernichtet werden muss. Zu den Projekterfolgen zählen ebenfalls neun Abschlussarbeiten – darunter zwei Bachelor-, vier Master- sowie drei Doktorarbeiten, die Studierende in Kooperation mit Universitäten und Fachhochschulen über die Entwicklung, Anwendung und den Transfer der Methoden verfassten.

Kombination mit komplementären analytischen Technologien

Um in Zukunft die Arbeiten im Forschungsprogramm ‚Bio-Imaging' stärker voranzutreiben, hat das ISAS 2020 die Arbeitsgruppe Bioimaging etabliert. Die neue Gruppe unter der Leitung von Prof. Dr. Anika Grüneboom hat das Ziel, molekulare und zelluläre Vorgänge, die sogenannten immuno-vaskulären Interaktionen unter entzündlichen Bedingungen zugrunde liegen, aufzuklären. Dabei werden die Forscher:innen sowohl diese Zellinteraktionen in akuten entzündlichen Prozessen wie beim Herzinfarkt und einer Thrombo-Inflammation, als auch bei chronischen Autoimmunerkrankungen wie der rheumatoiden Arthritis untersuchen. Zum Einsatz kommen außer bildgebenden Verfahren wie der LSFM auch die Konfokal-Mikroskopie (Confocal Laser Scanning Microscopy, CLSM) oder Zwei-Photonen-Mikroskopie (Two-Photon Laser-Scanning Microscopy, TPLSM). Sie ermöglichen eine dreidimensionale Analyse biologischer Proben vom zellulären bis subzellulären Bereich. Um jedoch morphologische und funktionelle Veränderungen in entzündlichen Geweben über einen Zeitraum hinweg mit ihren zugrundeliegenden molekularen Mechanismen charakterisieren zu können, kombinieren die Wissenschaftler:innen am ISAS die LSFM, CLSM und TPLSM mit komplementären analytischen Technologien wie der Massenspektrometrie (MS).

Arbeitsgruppe
Bio-Fluorescence
Prof. Dr. Matthias Gunzer
T: +49 (0)231 1392-1403
E: matthias.gunzer@isas.de

Arbeitsgruppe Bioimaging
Prof. Dr. Anika Grüneboom
T: +49 (0)231 1392-239
E: anika.grueneboom@isas.de

Nachwuchsgruppe
CARS-Mikroskopie
(2015 bis 2020)
Dr. Erik Freier

Arbeitsgruppe
Kardiovaskuläre Pharmakologie
Prof. Dr. Kristina Lorenz
T: +49 (0)231 1392-103
E: kristina.lorenz@isas.de

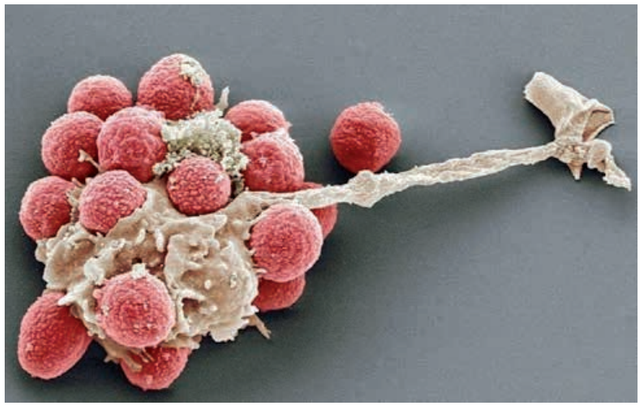
Arbeitsgruppe Miniaturisierung
PD Dr. Joachim Franzke
T: +49 (0)231 1392-174/199
E: joachim.franzke@isas.de

Zerstörungsfreie, integrative Messstrategien

Da aber nicht nur die Menge eines Biomoleküls in einem System, sondern auch dessen genaue räumliche Lage für einen Krankheitsmechanismus ausschlagegebend sein können, eröffnet die Kombination dieser optischen Verfahren mit allgemeiner und ortsaufgelöster MS künftig völlig neue Diagnosemöglichkeiten. Viele der genannten bildgebenden Methoden erfordern derzeit noch die Zerstörung der Proben, was deren Analyse oftmals auf eine einzelne Technik reduziert. Dies ist insbesondere bei seltenen Proben, beispielsweise humanen Gewebebiopsien, problematisch, da so umfassende Analysen unmöglich werden. Daher arbeitet das ISAS im Programm ‚Bio-Imaging' daran, komplementäre bildgebende und analytische Verfahren aufeinander abzustimmen und so miteinander zu kombinieren, dass neue, zerstörungsfreie, integrative Messstrategien entstehen. Die Entwicklung eines solchen Skalen-übergreifenden Multimethodenkonzepts – in Form der 4D-Analytik – soll die orts- und zeitaufgelöste, quantitative, in vivo Analyse auf zellulärer bis molekularer Ebene erlauben. Diese technischen Weiterentwicklungen sind für eine umfassende multimodale und multidimensionale Analyse und somit für ein ganzheitliches Verständnis biomedizinisch relevanter Prozesse ausschlaggebend. Perspektivisch sollen diese neuen analytischen Technologien in die klinische Diagnostik integriert werden und somit eine verbesserte Prävention und Frühdiagnostik sowie personalisierte Therapieansätze ermöglichen.

(SR) ■

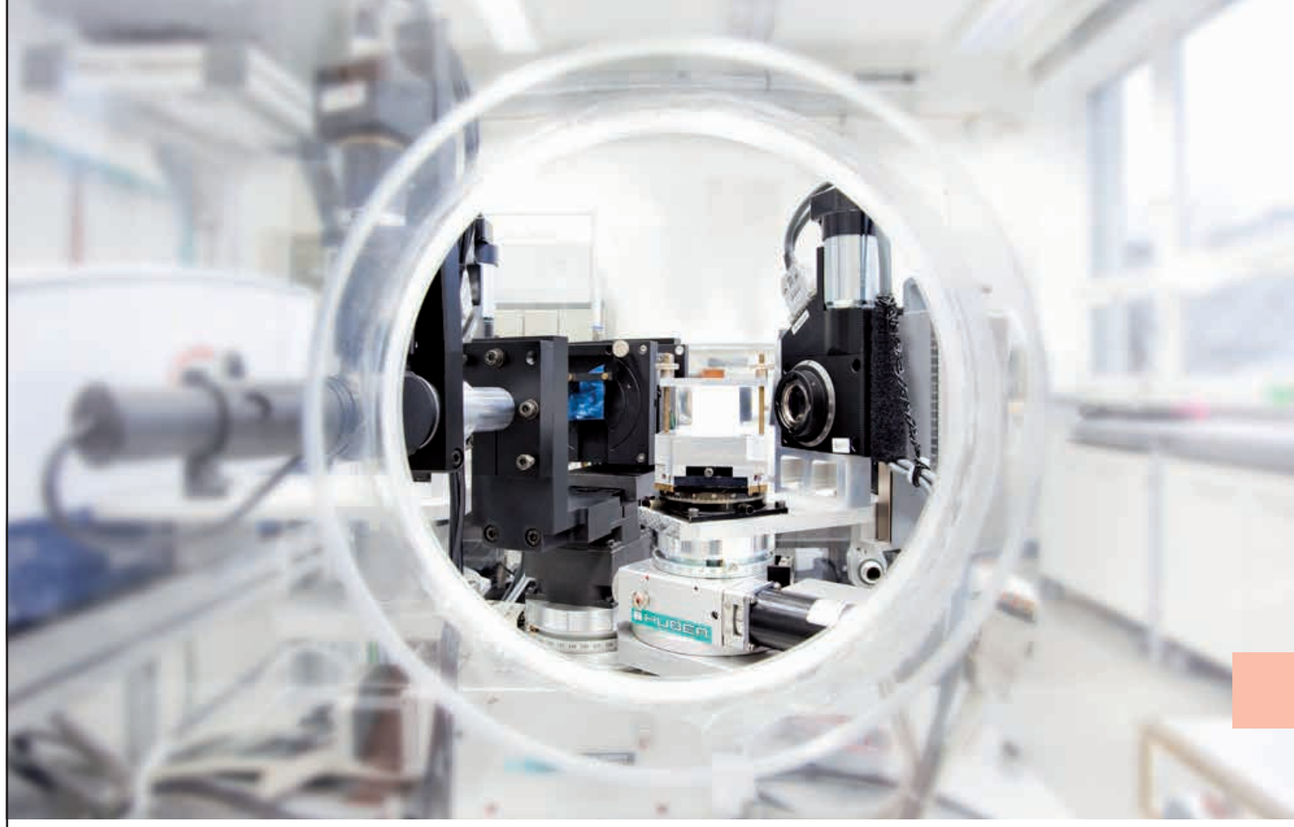
ISAS tritt INFECTIONS bei



Seine Expertise rund um human-pathogene Pilze wie Aspergillus fumigatus (rot eingefärbt), bringt Prof. Dr. Matthias Gunzer beim Leibniz-Forschungsverbund ein. Der Schimmelpilz birgt ein hohes Gesundheitsrisiko für Menschen mit Immunschwäche.

SARS-CoV-2 hat der Gesellschaft vor Augen geführt, wie schnell sich ein bis dato unbekanntes Virus weltweit ausbreiten und das öffentliche Leben brachlegen kann.

Verstehen, wie sich diese und andere Infektionskrankheiten verbreiten und welche biomedizinischen, ökologischen und sozio-ökonomischen sowie politische Aspekte dabei eine Rolle spielen, gehört zu den Zielen des Leibniz-Forschungsverbunds ‚INFECTIONS in an Urbanizing World – Humans, Animals, Environments'. Unter den 18 Partner-Instituten, die diesem Forschungsverbund angehören, ist seit Mai 2020 auch das ISAS. Prof. Dr. Matthias Gunzer, Immunologe und wissenschaftlicher Direktor der Abteilung Biospektroskopie, vertritt dabei das Institut.



Der Infrarot-Ellipsometer ermöglicht eine kontaktlose, zerstörungs- und labelfreie Analyse der Struktur und Zusammensetzung von Probenmaterialien.

BIOGRENZ-FLÄCHEN

Wie lassen sich Wirkstoffe, Krankheitsmarker und Biomoleküle in variablen Umgebungsbedingungen zuverlässig nachweisen und ihre Wechselwirkung mit der Umgebung erforschen?

Beim Forschungsprogramm Biogrenzflächen arbeiten Wissenschaftler:innen an Methoden, die zerstörungsfrei die Struktur, Funktion und biochemischen Prozesse von Biomole-

külen und Oberflächen erfassen können – idealerweise unter realistischen Bedingungen, ohne die Funktion der Zielmoleküle wesentlich zu beeinflussen. Wegen struktureller Veränderungen wird das Forschungsprogramm künftig nicht mehr fortgeführt. Die nachfolgend genannten Ergebnisse stehen beispielhaft für die Arbeit der Forscher:innen im Jahr 2020.

Funktionale Oberflächen für die Gesundheitsforschung

Im Mittelpunkt stehen funktionale Oberflächen, die in der Medizintechnik oder Biodiagnostik, für Zelltemplates oder bei der Entwicklung neuartiger Sensorkonzepte eine Rolle spielen können. Die Projekte decken sowohl molekülfunktionalisierte Oberflächen auf Nitrid- und Oxid-Halbleiterbasis sowie auf Metall- und Metalloxidbasis als auch biomimetische Oberflächen auf Basis von Biomolekülen oder Polymeren ab. Ein Schwerpunkt liegt auf der spektroskopischen Analyse solcher Grenzflächen und der Biofunktionalisierung von Grenzflächen.

Vom Stent bis zum Impfstoff: Grenzflächen in der Materialanalytik

Grenzflächen sind ein wichtiger Aspekt bei der Entwicklung neuer Materialien mit gezielt entwickelten Funktionalitäten. Themen wie die Biokompatibilität von Materialien für Implantate, zum Beispiel Stents, neue analytische Sensoren für die Qualitätskontrolle von Medizinprodukten, etwa in der Herstellung von Impfstoffen, sowie neue diagnostische Verfahren oder Testmethoden für die biologische Aktivität von Materialien sind dafür konkrete Anwendungen. Unterstützt werden sie durch grundlagenorientierte Untersuchungen an Modellsystemen mithilfe der Photoelektronenspektroskopie, um angestrebte Funktionaltäten neuer Materialien unter realistischen Bedingungen zu studieren.

2020 haben die Forscher:innen die Funktionalisierung der Metalloberflächen mit kleinen biologischen Molekülen weitergeführt. Dabei lag der Schwerpunkt auf der Funktionalisierung mit Glutathion als einer komplexeren Aminosäure, die aber weiterhin eine Thiolbindung erlaubt. Die Oberflächen wurden über Dip-Coating und UHV-Verdampfung (Ultrahochvakuum) funktionalisiert. Dabei stellte sich heraus, dass eine Funktionalisierung über Verdampfung im Gegensatz zu L-Cystein praktisch unmöglich ist – ein überraschender Effekt, da L-Cystein und Glutathion strukturell sehr ähnlich sind. Um diesen Effekt besser zu verstehen, laufen zurzeit parallel DFT-Berechnungen (Dichtefunktionaltheorie). Beide Moleküle sind als erster Schritt komplexerer Funktionalisierungen interessant.

Optofluidikplattform für IR- & Raman-Spektroskopie

Die Optofluidik verbindet die Vorteile aus Mikrofluidik und Optik. Anwendungen dieser Technologie beinhalten Biosensoren, Lab-on-chip-Geräte und molekulare Analyseverfahren in der Biochemie. Insbesondere können optofluidische Systeme in der pharmazeutischen und biologisch-chemischen Forschung für In-Situ-Anwendungen Verwendung finden, aber auch in der Qualitätskontrolle mittels On-Chip-Detektionen oder in der Erforschung und der Überwachung von molekularen Inter- oder Reaktionen.

Eine institutsübergreifende Kooperation der Abteilungen Grenzflächenanalytik und Bioanalytik erweitert aktuell die im Vorgängerprojekt entwickelte Mikrofluidikzelle. Ein Fokus ist es, eine mikrofluidische Plattform mit Verstärkungssubstraten für die kombinatorische Anwendung der Raman-, CARS (Coherent Antistokes Raman Scattering)- und Infrarot-Spektroskopie zu entwickeln, aufzubauen und zu optimieren.

Die neue Plattform ermöglicht eine markerfreie Analyse von Proteinen, zum Beispiel die Untersuchung der Kinetik von oxidativem Stress, die Strukturanalyse oder die Analyse und Detektion von Wechselwirkungen in Proteinkomplexen. Als wichtige Ergänzung des derzeitigen Methodenspektrums kann sie dazu beitragen, essentielle Zellprozesse zu untersuchen, die bei verschiedenen Krankheitsbildern eine Rolle spielen.

Neue Einblicke in Molekül- & Oberflächenstrukturen

Wie lassen sich aus optischen Fingerprintspektren konkrete Strukturinformationen auf atomarer bzw. molekularer Skala an Molekül-terminierten Grenzflächen gewinnen? Mit einem kombinierten Ansatz aus optischer Spektroskopie und quantenchemischen numerischen Simulationen erforschen die Wissenschaftler:innen Hybrid-Modellgrenzflächen, also geordnete Grenzflächen zwischen organischen Molekülen und Halbleitern.

Im Jahr 2020 konnten die Forscher:innen durch den Vergleich von experimentellen und ab-initio-berechneten Ramanspektren Molekül- und Oberflächenstrukturen aufdecken. So hat die Aufklärung der atomaren Struktur von Au-modifizierten Si(553)-Oberflächen zum Beispiel eine jahrelange kontroverse Diskussion gelöst, da die Forscher:innen zeigten konnten, dass an der Oberfläche lokalisierte Phonon-Moden durch den mit der Modifikation von atomaren Abständen (Bindungen) bedingten elektronischen Ladungstransfer eine wesentliche Rolle in der Strukturbildung und strukturellen Phasenübergängen an Oberflächen spielen können.

(CE) ■

Arbeitsgruppe
Bioresponsive Materials
Dr. Roland Hergenröder
T: +49 (0)231 1392-178
E: roland.hergenroeder@isas.de

Arbeitsgruppe
In-Situ-Spektroskopie
PD Dr. Karsten Hinrichs
T: +49 (0)231 1392-3541
E: karsten.hinrichs@isas.de

UNSER JAHR IN ZAHLEN

154

Beschäftigte

hatte das ISAS zum 31. Dezember 2020 an seinen Standorten in Dortmund und Berlin.

50 %

Frauen am ISAS

Der Anteil von angestellten Frauen wächst am ISAS stetig.

2018 2019 2020

77

Nicht-wissenschaftliche und wissenschaftlich-technische Beschäftigte (m/w/d)

arbeiten aktuell am ISAS, darunter 40 Frauen und 37 Männer.

77

Forscher:innen (m/w/d)

waren 2020 am ISAS beschäftigt, darunter 37 Wissenschaftlerinnen und 40 Wissenschaftler.

32

Promovierende (m/w/d)

Zu den 77 wissenschaftlichen Mitarbeiter:innen zählen 19 Doktorandinnen und 13 Doktoranden.

42

Wissenschaftliche Abschlüsse

Von den 42 Abschlussarbeiten waren die Hälfte interne Arbeiten.*

26

Promotionen

Dazu gehörten 26 Dissertationen, von denen elf am ISAS enstanden.*

16

B.Sc., M.Sc., Dipl.

Davon verfassten vier Bachelor-, fünf Master- sowie ein Diplom-Studierender ihre Abschlussarbeiten am ISAS.*

* Bei den übrigen Arbeiten handelt es sich um externe Gutachtertätigkeiten.

13,343 Mio.

Fördersumme für das ISAS

Das ISAS erhielt von Bund und Ländern 13.343.000 € an institutionellen Zuwendungen zum Kernhaushalt.

10,870 Mio.

Drittmitteleinwerbung

Zusätzlich warb das Institut 10.870.000 € an Drittmitteln ein.

93

Publikationen

wurden am ISAS in referierten Zeitschriften veröffentlicht.

50

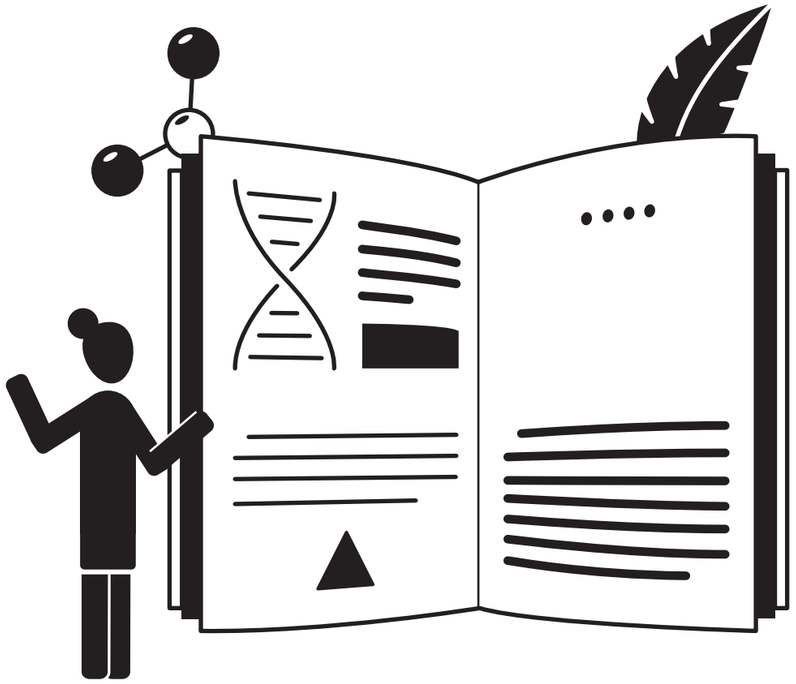
Open Access Publikationen

Von den 93 Publikationen waren 50 kostenfrei zugänglich.

7,22

Impact-Faktor

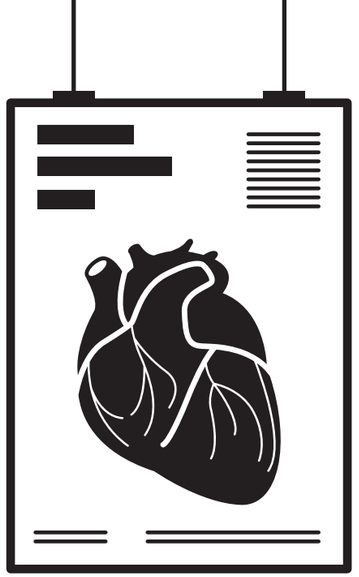
Der durchschnittliche Impact-Faktor der Publikationen in referierten Zeitschriften lag bei 7,22.



48

Paper

mit ISAS Erst- oder korrespondierenden Autorenschaften wurden 2020 publiziert.



12

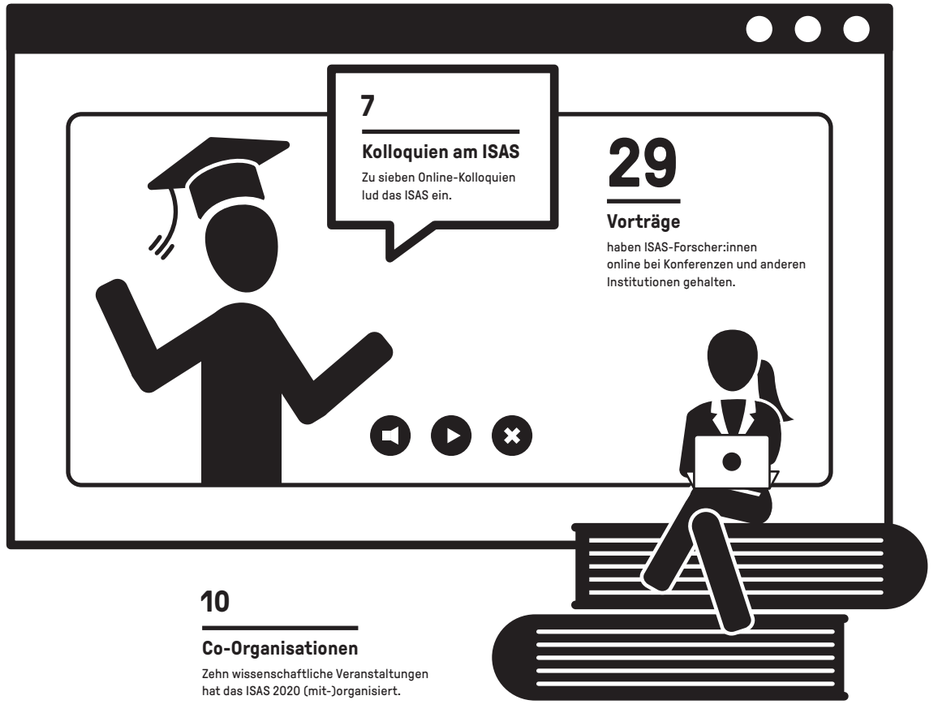
Posterpräsentationen

hielten die Wissenschaftler:innen im Jahr 2020.

41

Konferenzen

ISAS-Forscher:innen brachten sich 2020 bei 41 Fachkonferenzen (online) ein.



7

Kolloquien am ISAS

Zu sieben Online-Kolloquien lud das ISAS ein.

29

Vorträge

haben ISAS-Forscher:innen online bei Konferenzen und anderen Institutionen gehalten.

10

Co-Organisationen

Zehn wissenschaftliche Veranstaltungen hat das ISAS 2020 (mit-)organisiert.

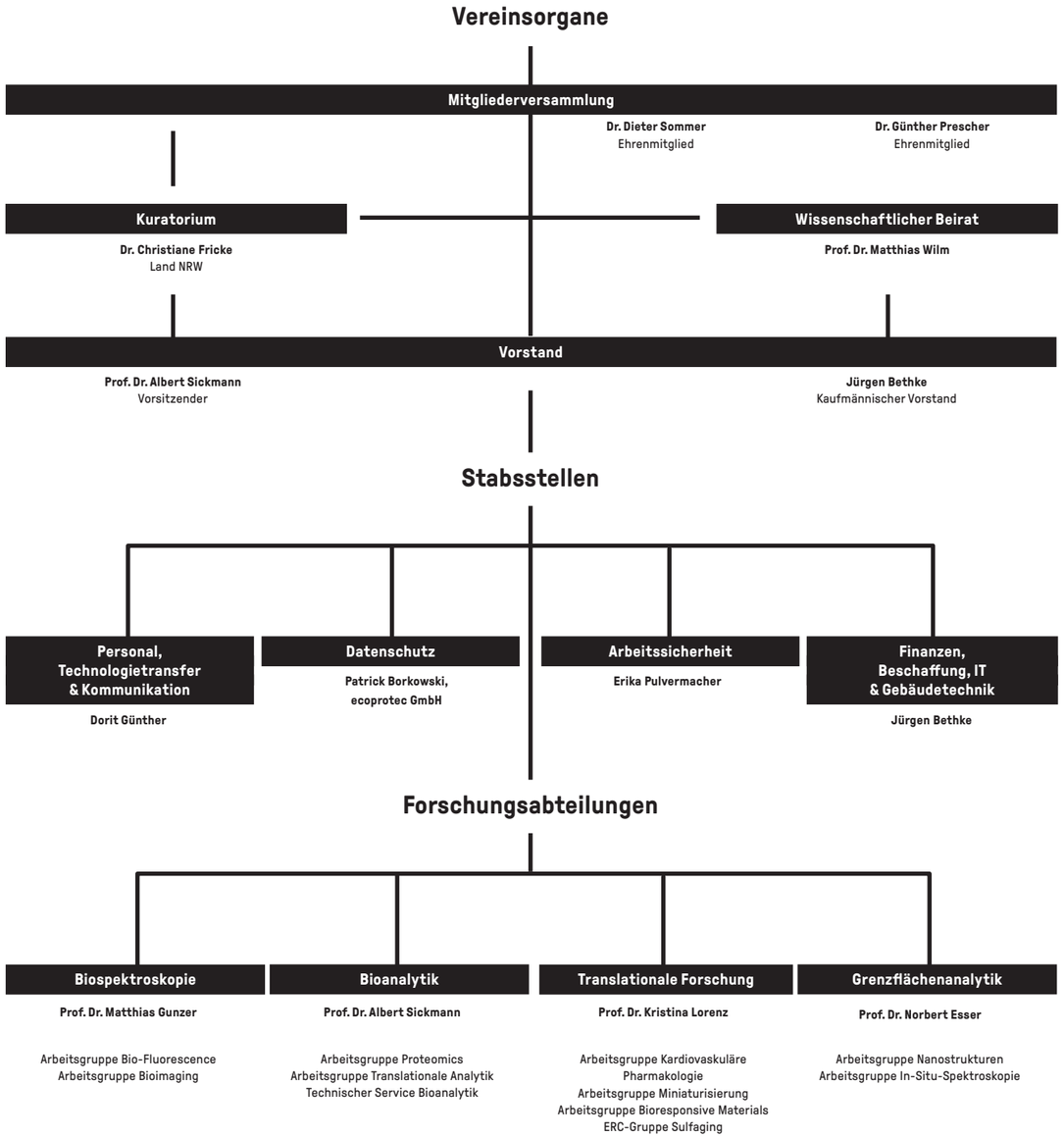
ORGANISATION

Der Vorstand des ISAS

Prof. Dr. Albert Sickmann, Vorsitzender *(links)*
Jürgen Bethke, Kaufmännischer Vorstand

Organigramm

Stand: 1. Juni 2021



GREMIEN

Vorstand

Prof. Dr. Albert Sickmann
Vorstandsvorsitzender

Jürgen Bethke
Kaufmännischer Vorstand

Wissenschaftlicher Beirat

Prof. Dr. Ronen Alon
Weizmann Institute of Science,
Department of Immunology
Israel

Dr. Anne K. Bendt
Singapore Lipidomics Incubator (SLING),
Life Sciences Institute (LSI),
National University of Singapore
Singapur

Prof. Dr. Britta Brügger
Biochemistry Center (BZH),
Ruprechts-Karls-Universität
Heidelberg

Prof. Dr. Jörg Feldmann
Institut für Chemie,
Universität Graz
Österreich

Prof. Dr. Ina Koch
Institute of Computer Science,
Department of Molecular Bioinformatics,
Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt
Frankfurt am Main

Prof. Dr. Markus Sauer
Lehrstuhl für Biotechnologie und Biophysik,
Biozentrum,
Julius-Maximilians-Universität
Würzburg

Prof. Dr. Andrea Urbani
Faculty of Medicine and Surgery,
Università Cattolica del Sacro Cuore
Italien

Prof. Dr. Heike Walles
Core Facility Tissue Engineering,
Otto-von-Guericke-Universität
Magdeburg

Prof. Dr. Matthias Wilm
Conway Institute,
University College Dublin (UCD)
Irland

Kuratorium

Berufene Mitglieder

Bundesrepublik Deutschland
Bundesministerium für Bildung und Forschung,
vertreten durch Dr. Torsten Geißler
Berlin

Land Berlin
Der Regierende Bürgermeister von Berlin,
Senatskanzlei – Wissenschaft und Forschung,
vertreten durch Dr. Björn Maul
Berlin

Land Nordrhein-Westfalen (Vorsitz)
Ministerium für Kultur und Wissenschaft,
vertreten durch Dr. Christiane Fricke
Düsseldorf

Ruhr-Universität Bochum
vertreten durch Prof. Dr. Andreas Ostendorf

Stadt Dortmund
Wirtschaftsförderung Dortmund,
vertreten durch Thomas Westphal

Technische Universität Berlin
vertreten durch Prof. Dr. Christian Thomsen

Technische Universität Dortmund
(stv. Vorsitz)
vertreten durch Prof. Dr. Gerhard Schembecker

Gewählte Mitglieder

Guido Baranowski
TechnologieZentrumDortmund GmbH
Dortmund

Dr. Susanne Eickemeier
Hochschule für Gestaltung
Offenbach am Main

Prof. Dr. Dieter Häussinger
Heinrich-Heine-Universität
Düsseldorf

Dr. Jörg Schneider
DFG Deutsche Forschungsgemeinschaft e.V.
Bonn

Prof. Dr. Alfred Wittinghofer
Max-Planck-Institut für Molekulare Physiologie
Dortmund

Mitglieder des Vereins

BASF SE

Bundesrepublik Deutschland

Fraunhofer-Institut für Toxikologie und experimentelle Medizin (ITEM)

Industrie- und Handelskammer zu Dortmund

Land Berlin

Land Nordrhein-Westfalen

Merck KGaA

OBLF Gesellschaft für Elektronik und Feinwerktechnik mbH

Ruhr-Universität Bochum

SENTECH Instruments GmbH

Shimadzu Europa GmbH

Siemens AG

Stadt Dortmund

Technische Universität Dortmund

TechnologieZentrumDortmund GmbH

Thermo Fisher Scientific GmbH (Bremen)

Thermo Fisher Scientific GmbH (Dreieich)

Westfälische Wilhelms-Universität Münster

AKTIVITÄTEN 2020

ACTIVITIES 2020

Publikationen
Publications

Publikationen in referierten Zeitschriften
Peer-reviewed Papers

Bioanalytik

Barniol-Xicota M, Verhelst, SHL
Isolation of intramembrane proteases in membrane-like environments
Biochimica et biophysica acta-Biomembranes, Vol. 1862, Nr. 4, 183193
https://doi.org/10.1016/j.bbamem.2020.183193

Camparini L, Kollipara L, Sinagra G, Loffredo FS, Sickmann A, Shevchuk O
Targeted Approach to Distinguish and Determine Absolute Levels of GDF8 and GDF11 in Mouse Serum
Proteomics, Vol. 20, Nr. 11, 1900104
https://doi.org/10.1002/pmic.201900104

Chakrabarty S, Verhelst SHL
Controlled Inhibition of Apoptosis by Photoactivatable Caspase Inhibitors
Cell Chemical Biology, Vol. 27, Nr. 11, S. 1434 – 1440
https://doi.org/10.1016/j.chembiol.2020.08.001

Comer S, Nagy Z, Bolado A, von Kriegsheim A, Gambaryan S, Walter U, Pagel O, Zahedi RP, Jurk K, Smolenski A
The RhoA regulators Myo9b and GEF-H1 are targets of cyclic nucleotide-dependent kinases in platelets
Journal of Thrombosis and Haemostasis: JTH, Vol. 18, Nr. 11, S. 3002 – 3012
https://doi.org/10.1111/jth.15028

Czech-Sioli M, Siebels S, Radau S, Zahedi RP, Schmidt C, Dobner T, Grundhoff A, Fischer N
The Ubiquitin-Specific Protease Usp7, a Novel Merkel Cell Polyomavirus Large T-Antigen Interaction Partner, Modulates Viral DNA Replication
Journal of Virology, Vol. 94, Nr. 5, ARTN e01638-19
https://doi.org/10.1128/JVI.01638-19

Danne-Rasche N, Rubenzucker S, Ahrends R
Uncovering the complexity of the yeast lipidome by means of nLC/NSI-MS/MS
Analytica Chimica Acta, Vol. 1140, S. 199 – 209
https://doi.org/10.1016/j.aca.2020.10.012

Duscha A, Gisevius B, Hirschberg S, Yissachar N, Stangl GI, Eilers E, Bader V, Haase S, Kaisler J, David C, Schneider R, Troisi R, Zent D, Hegelmaier T, Dokalis N, Gerstein S, Del Mare-Roumani S, Amidror S, Staszewski O, Poschmann G, Stühler K, Hirche F, Balogh A, Kempa S, Träger P, Zaiss MM, Holm JB, Massa MG, Nielsen HB, Faissner A, Lukas C, Gatermann SG, Scholz M, Przuntek H, Prinz M, Forslund SK, Winklhofer KF, Müller DN, Linker RA, Haghikia A
Propionic Acid Shapes the Multiple Sclerosis Disease Course by an Immunomodulatory Mechanism
Cell, Vol. 180, Nr. 6, S. 1067 – 1080
https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.035

Grimmer J, Helm S, Dobritzsch D, Hause G, Shema G, Zahedi RP, Baginsky S
Mild proteasomal stress improves photosynthetic performance in Arabidopsis chloroplasts
Nature Communications, Vol. 11, Nr. 1, 1662
https://doi.org/10.1038/s41467-020-15539-8

Hack T, Bertram S, Blair H, Borger V, Busche G, Denson L, Fruth E, Giebel B, Heidenreich O, Klein-Hitpass L, Kollipara L, Sendker S, Sickmann A, Walter C, von Neuhoff N, Hanenberg H, Reinhardt D, Schneider M, Rasche M
Exposure of patient-derived mesenchymal stromal cells to TGFB1 supports fibrosis induction in a pediatric acute megakaryoblastic leukemia model
Molecular Cancer Research, Vol. 18, Nr. 10, S. 1603 – 1612
https://doi.org/10.1158/1541-7786.MCR-20-0091

Hentschel A, Ahrends R
Developing a Robust Assay to Monitor and Quantify Key Players of Metabolic Pathways during Adipogenesis by Targeted Proteomics
Proteomics, Vol. 20, Nr. 11, 1900141
https://doi.org/10.1002/pmic.201900141

Jarmusch SA, Feldmann I, Blank-Landeshammer B, Cortés-Albayay C, Castro JF, Andrews B, Asenjo JA, Sickmann A, Ebel R, Jaspars M
Cutting the Gordian knot: early and complete amino acid sequence confirmation of class II lasso peptides by HCD fragmentation
The Journal of Antibiotics, Vol. 73, Nr. 11, S. 772 – 779
https://doi.org/10.1038/s41429-020-00369-z

Jender M, Novo P, Mähler D, Münchberg U, Janasek D, Freier E
Multiplexed Online-Monitoring of Microfluidic Free-Flow Electrophoresis via Mass Spectrometry
Analytical Chemistry, Vol. 92, Nr. 9, S. 6764 – 6769
https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c00996

Kahler JP, Lenders S, van de Plassche MAT, Verhelst SHL
Facile Synthesis of Aminomethyl Phosphinate Esters as Serine Protease Inhibitors with Primed Site Interaction
Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters, Vol. 11, Nr. 9, S. 1739 – 1744
https://doi.org/10.1021/acsmedchemlett.0c00284

Kahler JP, Vanhoutte R, Verhelst SHL
Activity-Based Protein Profiling of Serine Proteases in Immune Cells
Archivum immunologiae et therapiae experimentalis, Vol. 68, Nr. 4, 23
https://doi.org/10.1007/s00005-020-00586-2

Korovesis D, Rufo N, Derua R, Agostinis P, Verhelst SHL
Kinase Photoaffinity Labeling Reveals Low Selectivity Profile of the IRE1 Targeting Imidazopyrazine-Based KIRA6 Inhibitor
ACS Chemical Biology, Vol. 15, Nr. 12, S. 3106 – 3111
https://doi.org/10.1021/acschembio.0c00802

Kölbel H, Roos A, van der Ven PFM, Evangelista T, Nolte K, Johnson K, Töpf A, Wilson M, Kress W, Sickmann A, Straub V, Kollipara L, Weis J, Fürst DO, Schara U
First Clinical and Myopathological Description of a Myofibrillar Myopathy with Congenital Onset and Homozygous Mutation in FLNC
Human mutation, Vol. 41, Nr. 9, S. 1600 – 1614
https://doi.org/10.1002/humu.24062

Kopczynski D, Hoffmann N, Peng B, Ahrends R
Goslin – A Grammar of Succinct Lipid Nomenclature
Analytical Chemistry, Vol. 92, Nr. 16, S. 10957 – 10960
https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c01690

Knorrscheidt A, Püllmann P, Schell E, Homann D, Freier E, Weissenborn MJ
Identification of novel unspecific peroxygenase chimeras and unusual YfeX axial heme ligand by a versatile high-throughput GC-MS approach
ChemCatChem, Vol. 12, Nr. 19, S. 4788 – 4795
https://doi.org/10.1002/cctc.202000618

Kumm EJ, Pagel O, Gambaryan S, Walter U, Zahedi RP, Smolenski A, Jurk K
The Cell Cycle Checkpoint System MAST(L)-ENSA / ARPP19-PP2A is Targeted by cAMP / PKA and cGMP / PKG in Anucleate Human Platelets
Cells, Vol. 9, Nr. 2, 472
https://doi.org/10.3390/cells9020472

Kyselova A, Siragusa M, Anthes J, Solari FA, Loroch S, Zahedi RP, Walter U, Fleming I, Randriamboavonjy V
Cyclin Y Is Expressed in Platelets and Modulates Integrin Outside-in Signaling
International Journal of Molecular Sciences, Vol. 21, Nr. 21, 8239,
https://doi.org/10.3390/ijms21218239

Li H, Münchberg U, Oughli AA, Buesen D, Lubitz W, Freier E, Plumeré N
Suppressing hydrogen peroxide generation to achieve oxygen-insensitivity of a [NiFe] hydrogenase in redox active films
Nature Communications, Vol. 11 (2020), 920
https://doi.org/10.1038/s41467-020-14673-7

Makepeace K, Mohammed Y, Rudashevskaya E, Petrotchenko E, Vögtle F-N, Meisinger C, Sickmann A, Borchers C
Improving Identification of In-organello Protein-Protein Interactions Using an Affinityenrichable, Isotopically Coded, and Mass Spectrometry-cleavable Chemical Crosslinker
Molecular & Cellular Proteomics, Vol. 19, Nr. 4, S. 624 – 639
https://doi.org/10.1074/mcp.RA119.001839

Märker R, Blank-Landeshammer B, Beier-Rosberger A, Sickmann A, Kück U
Phosphoproteomic analysis of STRIPAK mutants identifies a conserved serine phosphorylation site in PAK kinase CLA4 to be important in fungal sexual development and polarized growth
Molecular Microbiology, Vol. 113, Nr. 6, S. 1053 – 1069
https://doi.org/doi: 10.1111/mmi.14475

Muscolino E, Schmitz R, Loroch S, Caragliano E, Schneider C, Rizzato M, Kim Y, Krause E, Lisnić VJ, Sickmann A, Reimer R, Ostermann E, Brune W
Herpesviruses Induce Aggregation and Selective Autophagy of Host Signalling Proteins NEMO and RIPK1 as an Immune-Evasion Mechanism
Nature Microbiology, Vol. 5, S. 331 – 342
https://doi.org/10.1038/s41564-019-0624-1

Peng B, Kopczynski D, Pratt B, Ejsing C, Burla B, Hermansson M, Benke PI, Tan SH, Chan MY, Torta F, Schwudke D, Meckelmann S, Coman C, Schmitz O, MacLean B, Manke MC, Borst O, R, Wenk M, Hoffmann N, Ahrends R
LipidCreator: A workbench to probe the lipidomic landscape
Nature Communications, Vol. 11, Nr. 1, 2057,
https://doi.org/10.1038/s41467-020-15960-z

Petereit J, Duncan O, Murcha MW, Fenske R, Cincu E, Cahn J, Pruzinska A, Ivanova A, Kollipara L, Wortelkamp S, Sickmann A, Lee J, Lister R, Millar AH, Huang S
Mitochondrial CLPP2 assists coordination and homeostasis of respiratory complexes
Plant Physiology, Vol. 184, Nr. 1, S. 148 – 164
https://doi.org/10.1104/pp.20.00136

Reich S, Nguyen CDL, Has C, Steltgens S, Soni H, Coman C, Freyberg M, Bichler A, Seifert N, Conrad D, Knobbe-Thomsen CB, Tews B, Toedt G, Ahrends R, Medenbach J
A multi-omics analysis reveals the unfolded protein response regulon and stress-induced resistance to folate-based antimetabolites
Nature Communications, Vol. 11, Nr. 1, 2936
https://doi.org/10.1038/s41467-020-16747-y

Scheidt T, Alka O, Gonczarowska-Jorge H, Gruber W, Rathje F, Dell'Aica M, Rurik M, Kohlbacher O, Zahedi RP, Aberger F, Huber CG
Phosphoproteomics of short-term hedgehog signaling in human medulloblastoma cells
Cell communication and signaling, Vol. 18, Nr. 1, 99
https://doi.org/10.1186/s12964-020-00591-0

Scheller I, Stritt S, Beck S, Peng B, Pleines I, Heinze KG, Braun A, Otto O, Ahrends R, Sickmann A, Bender M, Nieswandt B
Coactosin-like 1 integrates signaling critical for shear-dependent thrombus formation in mouse platelets
haematologica Vol. 105 No. 6 (2020)
https://doi.org/10.3324/haematol.2019.22516

Sims MC, Mayer L, Collins J, Bariana T, Megy K, Lavenu-Bombled C, Seyres D, Kollipara L, Burden F, Greene D, Lee D, Rodriguez-Romera A, Alessi M-C, Astle WJ, Bahou W, Bury L, Chalmers E, Da Silva R, De Candia E, Deevi SVV, Farrow S, Gomez K, Grassi L, Greinacher A, Gresele P, Hart DP, Hurtaud M-F, Kelly A, Kerr R, Le Quellec S, Leblanc TM, Leinøe EB, Mapeta RP, McKinney H, Michelson AD, Morais S, Nugent DJ, Papadia S, Park SJ, Pasi J, Podda GM, Poon M-C, Reed R, Sekhar M, Shalev H, Sivapalaratnam S, Steinberg-Shemer O, Stephens JC, Tait RC, Turro E, Wu JK, Zieger BMH, Kuijpers TW, Whetton AD, Sickmann A, Freson K, Downes K, Erber W, Frontini M, Nurden P, Ouwehand WH, Favier R, Guerrero JA
Novel manifestations of immune dysregulation and granule defects in gray platelet syndrome
Blood, Vol. 136, Nr. 17, S. 1956 – 1967
https://doi.org/10.1182/blood.2019004776

Soni H, Bode J, Nguyen CDL, Puccio L, Nessling M, Piro RM, Bub J, Phillips E, Ahrends R, Eipper BA, Tews B, Goidts V
PERK-mediated expression of peptidylglycine alpha-amidating monooxygenase supports angiogenesis in glioblastoma
Oncogenesis, Vol. 9, Nr. 2, 18
https://doi.org/10.1038/s41389-020-0201-8

Šrajer Gajdošik M, Andjelković U, Gašo-Sokač D, Pavlović H, Shevchuk O, Martinovič T, Clifton J, Begić M, Josić D
Proteomic analysis of pyridoxal oxime derivatives treated Listeria monocytogenes reveals down-regulation of the main virulence factor, Listeriolysin O
Food Research International, Vol. 131, 108951
https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108951

Stein V, Blank-Landeshammer B, Muentjes K, Maerker R, Teichert I, Feldbruegge M, Sickmann A, Kueck U
The STRIPAK signaling complex regulates dephosphorylation of GUL1, an RNA-binding protein that shuttles on endosomes
Plos genetics, Vol. 16, Nr. 9, 1008819
https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008819

Swieringa F, Solari FA, Pagel O, Beck F, Huang J, Feijge MAH, Jurk K, Koerver-Keularts IMLW, Mattheij NJA, Faber J, Pohlenz J, Russo A, Stumpel CTRM, Schrander DE, Zieger B, van Der Meijden PEJ, Zahedi RP, Sickmann A, Heemskerk JWM
Impaired iloprost-induced platelet inhibition and phosphoproteome changes in patients with confirmed pseudohypoparathyroidism type Ia, linked to genetic mutations in GNAS
Scientific reports, Vol. 10, Nr. 1, 11389
https://doi.org/10.1038/s41598-020-68379-3

Vanhoutte R, van de Plassche MAT, Verhelst SHL
Rapid Solid-Phase Construction of Serine Hydrolase Probes Results in Selective Activity-Based Probes for Acyl Protein Thioesterases-1/2
Journal of Medicinal Chemistry, Vol. 63, Nr. 20, S. 11845 – 11853
https://doi.org/10.1021/acs.jmedchem.0c01043

van de Plassche MAT, Barniol-Xicota M, Verhelst SHL
Peptidyl Acyloxymethyl Ketones as Activity-Based Probes for the Main Protease of SARS-CoV-2
ChemBioChem, Vol. 21, Nr. 23, S. 3383 – 3388
https://doi.org/10.1002/cbic.202000371

van de Plassche MAT, O'Neill TJ, Seeholzer T, Turk B, Krappmann D, Verhelst, SHL
Use of Non-Natural Amino Acids for the Design and Synthesis of a Selective, Cell-Permeable MALT1 Activity-Based Probe
Journal of Medicinal Chemistry, Vol. 63, Nr. 8, S. 3996 – 4004
https://doi.org/10.1021/acs.jmedchem.9b01879

van Geffen JP, Swieringa F, van Kuijk K, Tullemans BME, Solari FA, Peng B, Clemetson KJ, Farndale RW, Dubois LJ, Sickmann A, Zahedi RP, Ahrends R, Biessen EAL, Sluimer JC, Heemskerk JWM, Kuijpers MJE
Mild hyperlipidemia in mice aggravates platelet responsiveness in thrombus formation and exploration of platelet proteome and lipidome
Scientific reports, Vol. 10, Nr. 1, 21407
https://doi.org/10.1038/s41598-020-78522-9

van Veen S, Martin S, Van den Haute C, Benoy V, Lyons J, Vanhoutte R, Kahler JP, Decuypere J-P, Gelders G, Lambie E, Zielich J, Swinnen JV, Annaert W, Agostinis P, Ghesquiere B, Verhelst S, Baekelandt V, Eggermont J, Vangheluwe P
ATP13A2 deficiency disrupts lysosomal polyamine export
Nature, Vol. 578, S. 419 – 424
https://doi.org/10.1038/s41586-020-1968-7

Verhelst SHL, Bonger KM, Willems LI
Bioorthogonal Reactions in Activity-Based Protein Profiling
Molecules , Vol. 25, Nr. 24, 5994
https://doi.org/10.3390/molecules25245994

Volz J, Kusch C, Beck S, Popp M, Vögtle T, Meub M, Scheller I, Heil HS, Preu J, Schuhmann MK, Hemmen K, Premsler T, Sickmann A, Heinze KG, Stegner D, Stoll G, Braun A, Sauer M, Nieswandt B
BIN2 orchestrates platelet calcium signaling in thrombosis and thrombo-inflammation
The Journal of Clinical Investigation, Vol. 130, Nr. 11, S. 6064 – 6079
https://doi.org/10.1172/JCI136457

Xuan Y, Bateman NW, Gallien S, Goetze S, Zhou Y, Navarro P, Hu M, Parikh N, Hood BL, Conrads KA, Looße C, Birhanu Kitata R, Piersma SR, Chiasserini D, Zhu H, Hou G, Tahir M, Macklin A, Khoo A, Sun X, Crossett B, Sickmann A, Chen Y-J, Jimenez CR, Zhou H, Liu S, Larsen MR, Kislinger T, Chen Z, Parker BL, Cordwell SJ, Wollscheid B, Conrads TP
Standardization and Harmonization of Distributed Multi-National Proteotype Analysis supporting Precision Medicine Studies
Nature Communications, Vol. 11, 5248
https://doi.org/10.1101/2020.03.12.988089

Bioanalytik + Translationale Forschung

Kopczynski D, Hentschel A, Coman C, Schebb NH, Hornemann T, Mashek D, Hartung NM, Shevchuk O, Schött H-F, Lorenz K, Torta F, Burla B, Zahedi R, Sickmann A, Kreutz MR, Ejsing C, Medenbach J, Ahrends R
Simple targeted assays for metabolic pathways and signaling: a powerful tool for targeted proteomics
Analytical Chemistry, Vol. 92, Nr. 20, S. 13672 – 13676
https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c02793

Biospektroskopie

Amich J, Mokhtari Z, Strobel M, Vialetto E, Sheta D, Yu Y, Hartweg J, Kalleda N, Jarick KJ, Brede C, Jordán-Garrote A-L, Thusek S, Schmiedgen K, Arslan B, Pinnecker J, Thornton CR, Gunzer M, Krappmann S, Einsele H, Heinze KG, Beilhack A
Three-Dimensional Light Sheet Fluorescence Microscopy of Lungs To Dissect Local Host Immune-Aspergillus fumigatus interactions
mBio, Vol. 11 Nr. 1 (2020)
https://doi.org/10.1128/mBio.02752-19

Ballesteros I, Rubio-Ponce A, Genua M, Lusito E, Kwok I, Fernández-Calvo G, Khoyratty TE, van Grinsven E, González-Hernández S, Nicolás-Ávila JÁ, Vicanolo T, Maccataio A, Benguría A, Li JL, Adrover JM, Aroca-Crevillen A, Quintana JA, Martín-Salamanca S, Mayo F, Ascher S, Barbiera G, Soehnlein O, Gunzer M, Ginhoux F, Sánchez-Cabo F, Nistal-Villán E, Schulz C, Dopazo A, Reinhardt C, Udalova IA, Ng LG, Ostuni R, Hidalgo A
Co-option of Neutrophil Fates by TNr. Environments
Cell, Vol. 183, Nr. 5, S. 1282 – 1297
https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.003

Boivin G, Faget J, Ancey P-B, Gkasti A, Mussard J, Engblom C, Pfirschke C, Contat C, Pascual J, Vazquez J, Bendriss-Vermare N, Caux C, Vozenin M-C, Pittet MJ, Gunzer M, Meylan E
Durable and controlled depletion of neutrophils in mice
Nature Communications, Vol. 11, 2762,
https://doi.org/10.1038/s41467-020-16596-9

Bornemann L, Schuster M, Schmitz S, Sobczak C, Bessen C, Merz SF, Jöckel K-H, Haverkamp T, Gunzer M, Göthert JR
Defective migration and dysmorphology of neutrophil granulocytes in atypical chronic myeloid leukemia treated with ruxolitinib
BMC Cancer, Vol. 20, 650
https://doi.org/10.1186/s12885-020-07130-7

Gonzalez-Beltran AN, Masuzzo P, Ampe C, Bakker G-J, Besson S, Eibl RH, Friedl P, Gunzer M, Kittisopikul M, Dévédec SEL, Leo S, Moore J, Paran Y, Prilusky J, Rocca-Serra P, Besson S, Roudot P, Schuster M, Sergeant G, Strömblad S, Swedlow JR, van Erp M, Van Troys M, Zaritsky A, Sansone S-A, Martens L
Community standards for open cell migration data
GigaScience, Vol. 9, Nr. 5, 041
https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa041

Gunzer M, Thornton CR, Beziere N
Advances in the In Vivo Molecular Imaging of Invasive Aspergillosis
Journal of fungi , Vol. 6, Nr. 4, 338, S. 1 – 15
https://doi.org/10.3390/jof6040338

Hagemann N, Mohamud Yusuf A, Martiny C, Zhang X, Kleinschnitz C, Gunzer M, Kolesnick R, Gulbins E, Hermann DM
Homozygous Smpd1 deficiency aggravates brain ischemia/ reperfusion injury by mechanisms involving polymorphonuclear neutrophils, whereas heterozygous Smpd1 deficiency protects against mild focal cerebral ischemia
Basic Research in Cardiology, Vol. 115, Nr. 6, 64
https://doi.org/10.1007/s00395-020-00823-x

Heichler C, Scheibe K, Schmied A, Geppert CI, Schmid B, Wirtz S, Thoma O-M, Kramer V, Waldner MJ, Büttner C, Farin HF, Pešić M, Knieling F, Merkel S, Grüneboom A, Gunzer M, Grützmann R, Rose-John S, Koralov SB, Kollias G, Vieth M, Hartmann A, Greten FR, Neurath MF, Neufert C
STAT3 activation through IL-6/IL-11 in cancer-associated fibroblasts promotes colorectal tumour development and correlates with poor prognosis
Gut, Vol. 69, Nr. 7, S. 1269 – 1282
https://doi.org/10.1136/gutjnl-2019-319200

Khatib-Massalha E, Bhattacharya S, Massalha H, Biram A, Golan K, Kollet O, Kumari A, Avemaria F, Petrovich-Kopitman E, Gur-Cohen S, Itkin T, Brandenburger I, Spiegel A, Shulman Z, Gerhart-Hines Z, Itzkovitz S, Gunzer M, Offermanns S, Alon R, Ariel A, Lapidot T
Lactate released by inflammatory bone marrow neutrophils induces their mobilization via endothelial GPR81 signaling
Nature Communications, Vol. 11, 3547
https://doi.org/10.1038/s41467-020-17402-2

Metzger P, Kirchleitner SV, Boehmer DFR, Hörth C, Eisele A, Ormanns S, Gunzer M, Lech M, Lauber K, Endres S, Duewell P, Schnurr M, König LM
Systemic but not MDSC-specific IRF4 deficiency promotes an immunosuppressed tumor microenvironment in a murine pancreatic cancer model
Cancer Immunology, Immunotherapy, Vol. 69, S. 2101 – 2112
https://doi.org/10.1007/s00262-020-02605-9

Schleier L, Wiendl M, Heidbreder K, Binder M-T, Atreya R, Rath T, Becker E, Schulz-Kuhnt A, Stahl A, Schulze LL, Ullrich K, Merz SF, Bornemann L, Gunzer M, Watson AJM, Neufert C, Atreya I, Neurath MF, Zundler S
Non-classical monocyte homing to the gut via α4β7 integrin mediates macrophage-dependent intestinal wound healing
Gut, Vol. 69, Nr. 2, S. 252 – 263
https://doi.org/10.1136/gutjnl-2018-316772

Ueki H, Wang I-H, Zhao D, Gunzer M, Kawaoka Y
Multicolor two-photon imaging of in vivo cellular pathophysiology upon influenza virus infection using the two-photon IMPRESS
Nature protocols, Nr. 15 (2020), S. 1041 – 1065
https://doi.org/10.1038/s41596-019-0275-y

Wang C, Börger V, Sardari M, Murke F, Skuljec J, Pul R, Hagemann N, Dzyubenko E, Dittrich R, Gregorius J, Hasenberg M, Kleinschnitz C, Popa-Wagner A, Doeppner TR, Gunzer M, Giebel B, Hermann DM
Mesenchymal Stromal Cell-Derived Small Extracellular Vesicles Induce Ischemic Neuroprotection by Modulating Leukocytes and Specifically Neutrophils
Stroke, Vol. 51, Nr. 6, S. 1825 – 1834
https://doi.org/10.1161/STROKEAHA.119.028012

Grenzflächenanalytik

Asheghali D, Lee S-J, Furchner A, Grudz A, Larson S, Tokarev A, Stake S, Zhou X, Hinrichs K, Zhang LG, Minko S
Enhanced neuronal differentiation of neural stem cells with mechanically enhanced touch-spun nanofibrous scaffolds
Nanomedicine: Nanotechnology, Biology and Medicine, Vol. 24 (2020), 102152
https://doi.org/10.1016/j.nano.2020.102152

Braun C, Neufeld S, Gerstmann U, Sanna S, Plaickner J, Speiser E, Esser N, Schmidt WG
Vibration Driven Self-Doping of Dangling-Bond Wires on Si(553)-Au Surfaces
Physical Review Letters, Nr. 124, 146802
https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.124.146802

Furchner A, Kratz C, Hinrichs K
Laser-IR-Ellipsometrie für die Oberflächenanalytik
GIT Labor-Fachzeitschrift, Nr. 11, S. 36 – 38
https://analyticalscience.wiley.com/do/10.1002/was.00170007

Furchner A, Kratz C, Ogieglo W, Pinnau I, Rappich J, Hinrichs K
Ultrasensitive broadband infrared 4 × 4 Mueller-matrix ellipsometry for studies of depolarizing and anisotropic thin films
Journal of Vacuum Science & Technology B, Vol. 38, Nr. 1, 014003
https://doi.org/10.1116/1.5129800

Hinrichs K, Rappich J, Shaykhutdinov T
Cover Picture: Field Manipulation of Infrared Absorption Properties
Physica Status Solidi B-Basic Solid State Physics, Vol. 257, Nr. 5, 2070022
https://doi.org/10.1002/pssb.202070022

Hinrichs K, Rappich J, Shaykhutdinov T
Field manipulation of infrared absorption properties in thin films
Physica Status Solidi (b), Vol. 257, Nr. 5, 1900490
https://doi.org/10.1002/pssb.201900490

Huang M-D, Esser N, Hinrichs K, Tan Q, Rappich J, Nickel N, Dittrich T
Determination of residual dimethyl sulfoxide by high-resolution continuum source graphite furnace molecular absorption spectrometry
Spectrochimica Acta Part B-Atomic Spectroscopy, Vol 177, 106050
https://doi.org/10.1016/j.sab.2020.106050

Koenig M, Trouillet V, Welle A, Hinrichs K, Lahann J
Molecular Changes in Vapor-based Polymer Thin Films Assessed by Characterization of Swelling Properties of Amine-Functionalized Poly-p-xylylene
Macromolecular Chemistry and Physics, Vol. 221, Nr. 19, 2000213
https://doi.org/10.1002/macp.202000213

Kratz C, Furchner A, Sun G, Rappich J, Hinrichs K
Sensing and structure analysis by in situ IR spectroscopy: from mL flow cells to microfluidic applications
Journal of Physics: Condensed Matter, Vol. 32, Nr. 39
https://doi.org/10.1088/1361-648X/ab8523

Plaickner J, Speiser E, Chandola S, Esser N, Singh DK
Adsorption of toluene-3,4-dithiol on silver islands investigated by surface-enhanced Raman spectroscopy
Journal of Raman Spectroscopy, Vol 51, Nr. 5, S. 788 – 794
https://doi.org/10.1002/jrs.5843

Speiser E, Esser N, Halbig B, Geurts J, Schmidt W-G, Sanna S
Vibrational Raman spectroscopy on adsorbate-induced low-dimensional surface structures
Surface Science Reports, Vol. 75, Nr. 1, 100480
https://doi.org/10.1016/j.surfrep.2020.100480

von Bohlen A, Fernández-Ruiz R
Experimental evidence of matrix effects in total-reflection X-ray fluorescence analysis: Coke case
Tantala Vol. 209 (2020), 120562
https://doi.org/10.1016/j.talanta.2019.120562

Translationale Forschung

AlKhalil M, Al-Hiari Y, Kasabri V, Arabiyat S, Al-Zweiri M, Mamdooh N, Telfah A
Selected pharmacotherapy agents as antiproliferative and anti-inflammatory compounds
Drug Development Research, Vol. 81, S. 470 – 490
https://doi.org/10.1002/ddr.21640

Al-Ma'ani A, Al-Hiari Y, Kasabri V, Mamdooh N, Alalawi S, Telfah A
Functionalised Triazoloquinolones as a Potentially Novel Class of Antidiabesity and Antiproliferative compounds: Synthesis and Pharmacological Appraisal
Analytical Chemistry Letter, Vol. 9, Nr. 6, S. 727 – 746
https://doi.org/10.1080/22297928.2019.1699857

Alsaad AM, Al-Bataineh Q M, Qattan IA, Ahmad AA, Ababneh A, Albataineh Z, Aljarrah IA , Telfah A
Measurement and ab initio Investigation of Structural, Electronic, Optical, and Mechanical Properties of Sputtered Aluminum Nitride Thin Films
Frontiers in Physics, Nr. 115
https://doi.org/10.3389/fphy.2020.00115

Alsaad AM, Al-Bataineh QM, Telfah M, Ahmad AA, Albataineh Z, Telfah A
Optical properties and photo-isomerization processes of PMMA–BDK–MR nanocomposite thin films doped by silica nanoparticles
Polymer Bulletin,
https://doi.org/10.1007/s00289-020-03273-6

Alsaad AM, Al-Bataineh QM, Ahmad AA, Albataineh Z, Telfah A
Optical band gap and refractive index dispersion parameters of boron-doped ZnO thin films: A novel derived mathematical model from the experimental transmission spectra
Optik, Vol. 211, 164641
https://doi.org/10.1016/j.ijleo.2020.164641

Beneito-Cambra M, Gilbert-López B, Moreno-González D, Bouza M, Franzke J, García-Reyes JF, Molina-Díaz A
Ambient (desorption/ionization) mass spectrometry methods for pesticide testing in food: a review
Analytical Methods, Vol. 12, Nr. 40, S. 4831 – 4852
https://doi.org/10.1039/d0ay01474e

Burhenn S, Kratzer J, Franzke J
Temporal evolution of tellurium emission lines in a capillary dielectric barrier discharge after hydride generation
Spectrochimica Acta Part B-Atomic Spectroscopy, Vol. 171, 105936
https://doi.org/10.1016/j.sab.2020.105936

Drees C, Schütz A, Niu G, Franzke J, Vautz W, Brandt S
Stepwise optimization of a Flexible Microtube Plasma (FμTP) as an ionization source for Ion Mobility Spectrometry
Analytica Chimica Acta, Vol. 1127, S. 89 – 97
https://doi.org/10.1016/j.aca.2020.06.018

Drepper F, Biernat J, Kaniyappan S, Meyer HE, Mandelkow EM, Warscheid B, Mandelkow E
A combinatorial native MS and LC-MS / MS approach reveals high intrinsic phosphorylation of human Tau but minimal levels of other key modifications
Journal of Biological Chemistry, Vol. 295, Nr. 52, S. 18213 – 18225
https://doi.org/10.1074/jbc.RA120.015882

Hathazi D, Griffin H, Jennings MJ, Giunta M, Powell C, Pearce SF, Munro B, Wei W, Boczonadi V, Poulton J, Pyle A, Calabrese C, Gomez-Duran A, Schara U, Pitceathly RDS, Hanna MG, Joost K, Cotta A, Paim JF, Navarro MM, Duff J, Mattman A, Chapman K, Servidei S, Della Marina A, Uusimaa J, Roos A, Mootha V, Hirano M, Tulinius M, Giri M, Hoffmann EP, Lochmuller H, DiMauro S, Minczuk M, Chinnery PF, Mueller JS, Horvath R
Metabolic shift underlies recovery in reversible infantile respiratory chain deficiency
The EMBO journal, Vol. 39, Nr. 23, 105364
https://doi.org/10.15252/embj.2020105364

Jeanclos E, Knobloch G, Hoffmann A, Fedorchenko O, Odersky A, Lamprecht A-K, Schindelin H, Gohla A
Ca2+ functions as a molecular switch that controls the mutually exclusive complex formation of pyridoxal phosphatase with CIB1 or Calmodulin
FEBS Letters, Vol. 594, Nr. 13, S. 2099 – 2115
https://doi.org/10.1002/1873-3468.13795

Kasabri V, Arabiyat S, Al-Hiari Y, Zalloum H, Almaliti J, Telfah A, Bustanji YK, Alalawi S
Fluoroquinolones as a potentially novel class of antidiabesity and antiproliferative compounds: synthesis and docking studies
Canadian Journal of Chemistry, Vol. 98, Nr. 10, S. 635 – 645
https://doi.org/10.1139/cjc-2020-0162

Knodel A, Foest D, Brandt S, Ahlmann N, Marggraf U, Gilbert López B, Franzke J
Detection and Evaluation of Lipid Classes and Other Hydrophobic Compounds Using a Laser Desorption/Plasma Ionization Interface
Analytical Chemistry, Vol 92, Nr. 22, S. 15212 – 15220
https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c03839

Knodel A, Marggraf U, Ahlmann N, Brandt S, Foest D, Gilbert López B, Franzke J
Standardization of Sandwich-Structured Cu–Glass Substrates Embedded in a Flexible Diode Laser–Plasma Interface for the Detection of Cholesterol
Analytical Chemistry, Vol. 92, S. 4663 – 4671
https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c00311

Künzel SR, Rausch JSE, Schäffer C, Hoffmann M, Künzel K, Klapproth E, Kant T, Herzog N, Küpper J-H, Lorenz K, Dudek S, Emig R, Ravens U, Rog-Zielinska EA, Peyronnet R, El-Armouche A
Modeling atrial fibrosis in vitro – Generation and characterization of a novel human atrial fibroblast cell line
FEBS open bio, Vol. 10, Nr. 7, S. 1210 – 1218
https://doi.org/10.1002/2211-5463.12896

M. Al-Bataineh Q, Alsaad AM, Ahmad AA, Telfah A
A novel optical model of the experimental transmission spectra of nanocomposite PVC-PS hybrid thin films doped with silica nanoparticles
Heliyon, Vol. 6, Nr. 6, e04177
https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e04177

Mokhtari DJ, Jum'h I, Baaziz H, Charifi Z, Ghellab T, Telfah A, Hergenroeder R
Structural, electronic, magnetic and thermoelectric properties of inverse Heusler alloys Ti2CoSi, Mn2CoAl and Cr2ZnSi by employing Ab initio calculations
Philosophical Magazine, Vol. 100, Nr. 12, S. 1636 – 1661
https://doi.org/10.1080/14786435.2020.1731926

Shpacovitch V, Hergenröder R
Surface Plasmon Resonance (SPR)-Based Biosensors as Instruments with High Versatility and Sensitivity
Sensors, Vol. 20, Nr. 11, 3010
https://doi.org/10.3390/s20113010

Strandberg K, Ayoglu B, Roos A, Reza M, Niks EH, Signorelli M, Fasterius E, Pontén F, Lochmüller H, Domingos J, Pierpaolo A, Muntoni F, Aartsma-Rus A, Spitali P, Nilsson P, Al-Khalili-Szigyarto C
Blood-derived biomarkers correlate with clinical progression in Duchenne muscular dystrophy
Journal of Neuromuscular Diseases, Vol. 7, Nr. 3, S. 231 – 246
https://doi.org/10.3233/JND-190454

Sunoqrot S, Mahmound NN, Ibrahim LH, Al-Dabash S, Raschke H, Hergenröder R
Tuning the Surface Chemistry of Melanin-Mimetic Polydopamine Nanoparticles Drastically Enhances Their Accumulation into Excised Human Skin
ACS Biomaterials Science & Engineering, Vol. 6, Nr. 8, S. 4424–4432
https://doi.org/10.1021/acsbiomaterials.0c00196

Topf A, Oktay Y, Balaraju S, Yilmaz E, Sonmezler E, Yis U, Laurie S, Thompson R, Roos A, MacArthur DG, Yaramis A, Gungor S, Lochmueller H, Hiz S, Horvath R
Severe neurodevelopmental disease caused by a homozygous TLK2 variant
European journal of human genetics, Nr. 28, S. 383 – 387
https://doi.org/10.1038/s41431-019-0519-x

Usfoor Z, Kaufmann K, Rakib ASH, Hergenröder R, Shpacovitch V
Features of Sizing and Enumeration of Silica and Polystyrene Nanoparticles by Nanoparticle Tracking Analysis (NTA)
Sensors, Vol. 20, Nr. 22, 6611
https://doi.org/10.3390/s20226611

Vautz W
Die Ionenmobilitätsspektrometrie – eine immer noch unterschätzte analytische Technik
GIT Labor-Fachzeitschrift
https://www.git-labor.de/forschung/chemie-physik/die-ionenmobilitaetsspektrometrie

Vogel P, Lazarou C, Gazeli O, Brandt S, Franzke J, Moreno-González D
Study of Controlled Atmosphere Flexible Microtube Plasma Soft Ionization Mass Spectrometry for Detection of Volatile Organic Compounds as Potential Biomarkers in Saliva for Cancer
Analytical Chemistry, Vol. 92, Nr. 14, S. 9722 – 9729
https://doi.org/10.1021/acs.analchem.0c01063

Translationale Forschung + Grenzflächenanalytik

Tomasovic A, Brand T, Schanbacher C, Kramer S, Hümmert MW, Godoy P, Schmidt-Heck W, Nordbeck P, Ludwig J, Homann S, Wiegering A, Shaykhutdinov T, Kratz C, Knüchel R, Müller-Hermelink H-K, Rosenwald A, Frey N, Eichler J, Dobrev D, El-Armouche A, Hengstler JG, Müller OJ, Hinrichs K, Cuello F, Zernecke A, Lorenz K
Interference with ERK-dimerization at the nucleocytosolic interface targets pathological ERK1/2 signaling without cardiotoxic side-effects
Nature Communications, Nr. 11, 1733 (2020)
https://doi.org/10.1038/s41467-020-15505-4

Andere Publikationen
Other Publications

Bioanalytik

Ashwood C, Bittremieux W, Deutsch E, Doncheva N, Dorfer V, Gabriels R, Gorshkov V, Gupta S, Jones AR, Käll L, Kopczynski D, Lane L, Lautenbacher L, Legeay M, Locard-Paulet M, Mesuere B, Perez-Riverol Y, Netz E, Pfeuffer J, Sachsenberg T, Salz R, Samaras P, Schiebenhoefer H, Schmidt T, Schwämmle V, Soggiu A, Uszkoreit J, Van Den Bossche T, Van Puyvelde B, Van Strien J, Verschaffelt P, Webel H, Willems S
Proceedings of the EuBIC-MS 2020 Developers' Meeting, EuPA Open Proteomics
Proceedings of the EuBIC-MS 2020 Developers' Meeting, EuPA Open Proteomics
https://doi.org/10.1016/j.euprot.2020.11.001

Costanzo M, Caterino M, Cevenini A, Kollipara L, Shevchuk O, Nguyen DLC, Sickmann A, Ruoppolo M
Data Independent Acquisition Mass Spectrometry for Proteomic Advances into Isolated Methylmalonic Acidemia
Toxic Chemical and Biological Agents: NATO Science for Peace and Security Series A: Chemistry and Biology. NATO Science for Peace and Security Series A: Chemistry and Biology, Springer, Dordrecht, S. 221 – 223
https://doi.org/10.1007/978-94-024-2041-8_15

Hoffmann N, Kopczynski D
Goslin webapp v1.1.2
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3842879

Hoffmann N, Kopczynski D
rgoslin v1.1.2
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3842908

Hoffmann N, Kopczynski D
jgoslin v1.1.2
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3842332

Hoffmann N, Kopczynski D, Al Machot F, Miranda Ackermann J, Sickmann A, Schwudke D, Shevchenko A, Ahrends R
Lipidomik: wie Lipide die Blutgerinnung steuern
de.NBI Use Case Broschüre 2020

Schwudke D, Miranda Ackermann J, Shevchenko A, Ahrends R
Lipidomics – How Lipids Control Blood Coagulation.
DATA ANALYSIS FOR INSIGHTS INTO COMPLEX BIOLOGICAL SYSTEMS: Highlights from the German Network for Bioinformatics Infrastructure.

Kopczynski D, Hoffmann N, Pratt B, Peng B, Ahrends R
LipidCreator v.1.1.0
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3843534

Kopczynski D, Hoffmann N
cppgoslin v1.1.2
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3842328

Kopczynski D, Hoffmann N
Goslin v1.1.2
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3842325

Kopczynski D, Hoffmann N
pygoslin v1.1.2
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.3842329

Kopczynski D, Hoffmann N, Peng B, Ahrends R
Goslin – A Grammar of Succinct Lipid Nomenclature
BioRxiv. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
https://doi.org/10.1101/2020.04.17.046656

Kopczynski D, Peng B, Hoffmann N, Pratt B, Ahrends R
LipidCreator v.1.1.0.747
Software
https://doi.org/10.5281/zenodo.4382076

Pluskal T, Hoffmann N, Du X, Wang J-K
Mass Spectrometry Development Kit (MSDK): a Java library for mass spectrometry data processing
R Winkler (Hrsg.), Processing Metabolomics and Proteomics Data with Open Software: A practical guide. Royal Society of Chemistry, S. 399 – 405
https://doi.org/10.1039/9781788019880

Shevchuk O
Targeted Proteomics for Rapid and Sensitive Detection of Foodborne Pathogens
Targeted Proteomics for Rapid and Sensitive Detection of Foodborne Pathogens. Reference Module in Food Science.
https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100596-5.22841-2

Széliová D, Schoeny H, Knez Š, Troyer C, Coman C, Rampler E, Koellensperger G, Ahrends R, Hann S, Borth N, Zanghellini J, Ruckerbauer DE
Robust Analytical Methods for the Accurate Quantification of the Total Biomass Composition of Mammalian Cells
Metabolic Flux Analysis in Eukaryotic Cells. Bd. 2088, Methods in molecular biology (Clifton, N. J.), S. 119 – 160
https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0159-4_7

Grenzflächenanalytik

Hinrichs K, Kratz C, Furchner A
Hyperspectral mid-infrared ellipsometric measurements in the twinkling of an eye
Spectroscopy Europe, Jg. 2020, Nr. 32 (2), S. 10 – 14

Hinrichs K, Kratz C, Furchner A
Hyperspectral mid-infrared ellipsometric measurements in the twinkling of an eye
Spectroscopy Asia, Jg. 16, Nr. 2, S. 8 – 12

Furchner A, Kratz C, Hinrichs K
Laser IR ellipsometry for surface analytics – Hyperspectral and microfluidic applications
in Laser IR ellipsometry for surface analytics: Hyperspectral and microfluidic applications
https://doi.org/https://analyticalscience.wiley.com/do/10.1002/was.00080139

Vorträge
Lectures

Konferenzvorträge
Conference Talks

Bioanalytik

Ingo Feldmann
Replacing Immunoassays with MS-based Technology: Quantitative Proteomics Assays Enabling Deep Molecular Phenotyping of the Mouse
53rd Annual Meeting of the German Society for Mass Spectrometry
Münster

Nils Hoffmann
Goslin – A grammar of succinct lipid nomenclature
Bioinformatics Community Conference 2020
Online

FAIR Data Standards and Workflow Interoperability in metabolomics and lipidomics – the mzTab-M data exchange format
Joint 8th European Lipidomics Meeting & 6th Lipidomics Forum
Online

Dominik Kopczynski
Goslin – A Grammar of Succinct Lipid Nomenclature
Joint 8th European Lipidomics Meeting & 6th Lipidomics Forum
Online

Stefan Loroch
Towards automated proteomics sample preparation
53rd Annual Meeting of the German Society for Mass Spectrometry
Münster

Stefan Loroch, Albert Sickmann
Excellent sensitivity through excellent recovery – ERLIC for absolute quantification of low abundant protein phosphorylation events in cancer patient tissue
53rd Annual Meeting of the German Society for Mass Spectrometry
Münster

Albert Sickmann
Focus on platelets
5th Thrombosis Meeting Freiburg – From Mechanisms to Optional Treatment – How to treat Thrombotic Disorders
Freiburg

Proteomics – Clinical and Biological Applications
53rd Annual Meeting of the German Society for Mass Spectrometry
Münster

Biospektroskopie

Matthias Gunzer
Whole organ quantitative biology with light sheet microscopy uncovers healthy and pathologic physiology with unprecedented detail
Oxford Medical Sciences Imaging Symposium 2020: Advanced Tissue Imaging: from Single Cells to Whole Organs
Oxford, Großbritannien

Grenzflächenanalytik

Andreas Furchner
Hyperspectral and Time-Resolved Infrared Laser Ellipsometry for Polymer Thin Film Analysis
21st European Symposium On Polymer Spectroscopy (ESOPS)
Linz, Österreich

Karsten Hinrichs
Multiscale Infrared Spectroscopic Analysis of Thin Polymer Films
21st European Symposium On Polymer Spectroscopy (ESOPS)
Linz, Österreich

Polarization Dependent AFM-IR for Analysis of Anisotropy and Heterogeneity at the Nanoscale
Pittcon 2020
Chicago, USA

IR Nanopolarimetry of Anisortropic Materials and Thin Films
FAC SSCIX 2020: The Great Virtual Exchange
Online

Translationale Forschung

Kristina Lorenz
Krebstherapie kann Herzprobleme fördern – Welche Ansätze gibt es?
Deutsche Pharmazeutische Gesellschaft e. V.
Online

Roland Hergenröder
New virus and antibody detection schemes for pandemic testing based on Plasmonics and deep neural networks
Connected Health & COVID-19: Now and Beyond the Great Lockdown
Online

Lubaba Migdadi
Semi-Supervised Learning in Metabolic Analysis Employing Two Dimensional Nuclear Magnetic Resonance (NMR)
7th Intl. Conference on Soft Computing & Machine Intelligence
Online

Semi-Supervised Learning in Metabolic Analysis Employing Two Dimensional Nuclear Magnetic Resonance (NMR)
7th International Conference on Bioinformatics Research and Applications
Online

Elen Tolstik
(vorgetragen von / presented by)
Liubov A Osminkina)
Biodegradable Porous Silicon Nanocontainers as an Effective Drug Carrier for Regulation of the Tumor Cell Death Pathways
Porous Semiconductors – Science and Technology 2020
Lido di Camaiore, Italien

Sonstige Vorträge
Other Lectures

Bioanalytik

Nils Hoffmann
Data Standardization and Tools for Lipidomics
Department of Analytical Chemistry, Faculty of Chemistry, University of Vienna
Wien, Österreich

Jacqueline Katzer
Analysing singalling molecules and modifications in platelets by proteomics, lipidomics and bioinformatics
Retreat Transregio 240
Online

Laxmikanth Kollipara, Ewelina Paulina Dutkiewicz, Albert Sickmann
Post-translation modifications of the synaptic scaffold controlling age-induced memory impairment
SAW-218 Meeting
Dortmund

Dominik Kopczynski
Targeted Proteomics with STAMPS and Skyline
Introduction to the Cloud for Proteomics Analyses, German Network for Bioinformatics Infrastructure
Online

Yvonne Reinders, Fiorella Solari
Proteomics approaches to elucidate cardiovascular diseases mechanisms
3. Retreat des SFB 1116
Bergisch Gladbach, Deutschland

Albert Sickmann
OMICS tools for precision medicine
School of Life and Environmental Science, Faculty of Science, The University of Sydney, Australien

OMICS tools for precision medicine
Adelaide BioMed City Precinct
Adelaide, Australien

Albert Sickmann, Laxmikanth Kollipara
Post-translational modifications of the synaptic scaffold controlling age-induced memory impairment
SAW-218 Meeting
Berlin

Biospektroskopie

Matthias Gunzer
The impact of inflammation on the mobilization and tissue homing of neutrophils
Friedrich-Loeffler-Institut
Greifswald

The impact of inflammation on the mobilization and tissue homing of neutrophils
Leibniz Research Institute for Environmental Medicine
Düsseldorf

Grenzflächenanalytik

Karsten Hinrichs
Brilliant Infrared Spectroscopic Polarimetry of Thin Films and Surfaces
Institute of Physics, Department of Mathematics and Natural Sciences, Technische Universität
Ilmenau

Translationale Forschung

Roland Hergenröder
Plasmon assisted microscopy for single virus detection: integrating plasmonics, surface science and machine learning to defeat pandemics
Fakuktät Physik, Technische Universität
Dortmund

Veranstaltungen
Events

Mit-Organisation & Organisation wissenschaftlicher Veranstaltungen
Co-organisation & Organisation of Scientific Events

Bioanalytik

EuBIC 2020 Developer's Meeting
13.01.20 – 17.01.20
Nyborg, Dänemark

Joint 8th European Lipidomics Meeting & 6th Lipidomics Forum
29.09.20 – 02.10.20
Online

Introduction to the Cloud for Proteomics Analyses
23.11.20
Online

Data visualization using R: de.NBI Training Nr. 965
07.12.20
Online

Biospektroskopie

Demonstration Holotable
27.02.20 – 28.02.20
Dortmund

Emerging Technologies in Medicine 2020
28.02.20 – 29.02.20
Essen

Translationale Forschung

DAAD German Jordanian School 2020 (DGJS 2020)
09.12.20 – 17.12.20
Online

Wissenstransfer & Öffentlichkeitsarbeit
Knowledge Transfer & Public Relations

Personal, Technologietransfer & Kommunikation

Leibniz im Landtag
05.11.20
Online

DIGITAL LUNCH BREAK
»Covid-19: auf dem Weg zur Impfung«
14.12.20
Online

DIGITAL LUNCH BREAK
»Covid-19: auf dem Weg zur Impfung«
18.12.20
Online

Lehrveranstaltungen
Teaching Activities

Bioanalytik

Ingo Feldmann
Methodenoptimierung zur Quantifizierung der Aminosäurenzusammensetzung von Proteinen in komplexen Zellproben aus der Proteomik mittels UHPLC
Technische Berufliche Schule 1, Bochum
August bis Oktober 20

Dirk Janasek
Analytische Anwendungen von »Lab-on-a-Chip«-Systemen
Technische Universität Dortmund,
Wintersemester 19/20

Physiologie & Anatomie
Fachhochschule Dortmund,
Wintersemester 19/20

Biochemie
Fachhochschule Dortmund,
Sommersemester 20

Physiologie & Anatomie
Fachhochschule Dortmund,
Wintersemester 20/21

Albert Sickmann
Biochemie I.
Ruhr-Universität Bochum,
Wintersemester 19/20

Proteomik und Metabolomik
Hochschule Hamm-Lippstadt,
Wintersemester 19/20

Biochemie II.
Ruhr-Universität Bochum,
Sommersemester 20

Biochemie I.
Ruhr-Universität Bochum,
Wintersemester 20/21

Physiologie & Anatomie
Fachhochschule Dortmund,
Wintersemester 20/21

Proteomik und Metabolomik
Hochschule Hamm-Lippstadt,
Wintersemester 20/21

Albert Sickmann, Dirk Janasek
Bioanalytik
Technische Universität Dortmund,
Wintersemester 19/20

Chemische Analytik
Technische Universität Dortmund, Sommersemester 20

Bioanalytik
Technische Universität Dortmund,
Wintersemester 20/21

Steven Verhelst
Advances in Biomarkers in Health & Disease
Katholieke Universiteit Leuven, Belgien
Wintersemester 19/20

Hot Topics in Biomarkers in Health & Disease
Katholieke Universiteit Leuven, Belgien
Wintersemester 19/20

Skills in Biomedical Research 1: Information & communication skills 1
Katholieke Universiteit Leuven, Belgien
Wintersemester 19/20

Skills in Biomedical Research 2: Information and Communication Skills 2, integration
Katholieke Universiteit Leuven, Belgien
Wintersemester 20/21

Grenzflächenanalytik

Andreas Furchner, Kasten Hinrichs
IR Ellipsometrie, Fortgeschrittenenpraktikum
Technische Universität Berlin,
Wintersemester 20/21

Andreas Furchner, Kasten Hinrichs, Christoph Kratz
Hyperspektrale Infrarot Polarimetrie – Fortgeschrittenenpraktikum
Technische Universität Berlin,
Wintersemester 20/21

Karsten Hinrichs
Ellipsometrie
Technische Universität Berlin,
Sommersemester 20

Ellipsometry
Technische Universität Dresden,
Wintersemester 20/21

Karsten Hinrichs, Norbert Esser
Optische Spektroskopie an Oberflächen und Grenzflächen
Technische Universität Berlin,
Sommersemester 20

Norbert Esser
Festkörperspektroskopie: Grundlagen und Methoden
Technische Universität Berlin,
Sommersemester 20

Festkörperspektroskopie: Grundlagen und Methoden
Technische Universität Berlin,
Wintersemester 20/21

Translationale Forschung

Joachim Franzke
Angewandte Laserspektroskopie
Technische Universität Dortmund
Wintersemester 19/20

Angewandte Plasmaphysik
Technische Universität Dortmund
Sommersemester 20

Angewandte Laserspektroskopie
Technische Universität Dortmund
Wintersemester 20/21

Kolloquien
Colloquia

Dortmund

Dr. habil. Milos Filipovic
Protein persulfidation in health and disease: Does the fountain of youth smell of sulfur?
Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires, Bordeaux, Frankreich
März 2020

Does the fountain of youth smell like sulfide? (The role of protein persulfidation)
Arbeitsgruppe SULFAGING, Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften – ISAS – e.V., Dortmund
November 2020

Prof. Dr. Anika Grüneboom
The fluorescence microscopy toolbox – bridging scales in immunology
Arbeitsgruppe Bioimaging, Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften – ISAS – e.V., Dortmund
November 2020

Dr. Sven Heiles
Revealing all shapes and sizes of lipids – New mass spectrometric tools for investigating lipid isomers
Institut für Anorganische und Analytische Chemie, Justus-Liebig-Universität, Gießen
April 2020

Prof. Dr. Gavin O'Connor
The current and future needs for improving the comparability of biochemical measurement results
Abteilung Biochemie, Physikalisch-Technische Bundesanstalt, Braunschweig
Februar 2020

Prof. Dr. Daniel Schwendemann
Preparation of functional compounds in combination with the filament extrusion
Institut für Werkstofftechnik und Kunststoffverarbeitung (IWK), Rapperswil, Schweiz
Januar 2020

Berlin

Dr. Dmytro Solonenko
Epitaxial silicene: from monolayer to multilayer and back
Institut für Physik, Technische Universität Chemnitz
Februar 2020

Drittmittelprojekte
Third-Party-Funded Projects

Bioanalytik

A synaptoneurolipidomics view on neuronal plasticity in insulin resistance and Alzheimer's disease
Januar 2017 – Juni 2021
Leibniz Gemeinschaft

Analyse differenzieller Gen- und Proteinexpression zum In-Vitro-Nachweis einer Arzneimittelallergie
INA
Januar 2020 – Dezember 2022
EFRE / Land NRW

Enzyme evolution by catalsysis enhanced diffusion
EVO-DIFF
Mai 2019 – April 2020
Leibniz-Gemeinschaft, Leibniz-Forschungsverbund »Bioactive Compounds and Biotechnology«

Gen und Protein Signaturen als GPS für Patienten mit Neuromuskulären Erkrankungen
NME-GPS
Januar 2019 – Dezember 2021
EFRE / Land NRW

Leibniz Research Cluster (LRC) – Bio- / Synthetische multifunktionale Mikro-Produktionseinheiten – Neuartige Wege zur Wirkstoffentwicklung
Nachwuchsgruppe Analytik, »Charakterisierung der Reaktionen und Präparation der Wirkstoffe«
CARS (Teilprojekt E)
April 2015 – September 2020
BMBF

Modellbasierte Optimierung der Anämiebehandlung für den einzelnen Patienten mit chronischer Nierenerkrankung
NephrESA (Teilprjekt D)
Juni 2019 – Mai 2022
BMBF

Platelet signatures and psoriasis in cardiac dysfunction
Januar 2018 – Dezember 2020
BMBF

Platelets – Molecular, cellular and systemic functions in health and disease (SFB / Transregio)
Teilprojekt Z02: Analyse von Signalmolekülen und Protein- Modifikationen von Thrombozyten mit Hilfe von Proteomik, Lipidomik und Bioinformatik
TR 240
Juli 2018 – Juni 2022
DFG

Post-translational modifications of the synaptic scaffold controlling age-induced memory impairment
SyMetAge
Juli 2019 – Juni 2022
Leibniz Gemeinschaft

Rolle und Wirkmechanismus anaboler Stimuli auf die neuromuskuläre Trophik
835/8-2
Oktober 2017 – Oktober 2020
DFG

»Service Center – Structural Bio- & Chemoinformatics«
Etablierungsphase – Leistungszentrum BioInfra•Prot im Rahmen des de.NBI Konsortium »BioInfraProt«
de.NBI SBCI
März 2015 – Dezember 2021
BMBF

Service Unit »Lipidomics Informatics for Life Sciences«

de.NBI LIFS
November 2016 – Dezember 2021
BMBF

Nachwuchsgruppe Spatial Metabolomics
Spatial Metabolomics
Oktober 2020 – März 2026
BMBF

Strategiediskussion in den Sektionen – Strategieworkshop der Sektion D
Januar 2019 – Dezember 2020
Leibniz Gemeinschaft

Strategien zur personalisierten Frühdiagnose, Prävention und dem Monitoring von Therapien für kardiovaskuläre Erkrankungen
CVD-OMICS
April 2015 – Dezember 2020
MKW NRW

Targeting Platelet Adhesion Receptors in Thrombosis
TAPAS
Januar 2018 – Dezember 2021
EU

Thrombo-inflammation in cardiovascular disease
TICARDIO
April 2019 – März 2023
EU

Untersuchung der entzündungs-auslösenden Wirkung von Lipidtröpfchen in Hepatozyten mit CARS
HepatoCARS
April 2020 – Dezember 2020
Leibniz-Gemeinschaft, Leibniz-Forschungsverbund »Bioactive Compounds and Biotechnology«

Bioanalytik + Translationale Forschung

Master switches bei kardialer Ischämie
Teilprojekt S01: Funktionelles, Metabolisches und Multi-Omics Phänotypisierung bei akutem Myokardinfarkt
Teilprojekt A09: Kinasemodulator RKIP: Protektive Mechanismen bei Myokardinfarkt
SFB 1116
Januar 2019 – Dezember 2022
DFG

Biospektroskopie

Nachwuchsgruppe Analysis of Microscopic BIOmedical Images / Analyse von mikroskopischen biomedizinischen Bildern (AMBIOM)
AMBIOM
Oktober 2020 – März 2026
BMBF

Grenzflächenanalytik

Applikationslabor für die Infrarot-Laser Ellipsometrie
Februar 2017 – Oktober 2020
Der Regierende Bürgermeister von Berlin, Senatskanzlei – Wissenschaft und Forschung

Translationale Forschung

A Novel Antimicrobial polymeric Nanocomposite For Antifouling Water Filtration Membrane UsingControlled Doping With Nano Cobalt Cerium Dioxide (Ce02:Co)
AntiMicFilter
März 2019 – Dezember 2020
DAAD

Aufklärung von Dissoziationsmechanismen dielektrisch behinderter Entladungen für flüchtige Elementspezies
1192/27-1
Juli 2016 – Juli 2021
DFG

Cardio Save Targeting of ERK
ERK-CASTing
August 2020 – Juli 2022
BMBF

Decoding protein persulfidation signaling
SULFAGING
Oktober 2020 – September 2025
EU

Development of SPR-based immunoassays for measuring anti-CoV-2 antibodies and for detecting interactions between CoV-2 spike protein and virus entry receptor ACE2 at very low concentrations
Juni 2020 – Dezember 2020
Leibniz-Gemeinschaft, Leibniz-Forschungsverbund »Bioactive Compounds and Biotechnology«

Drug Discovery Hub Dortmund am ZIW – Translation akademischen Know-hows in die Anwendung
Teilprojekt: Kardiotoxizität
DDHD
April 2018 – März 2021
EFRE / Land NRW

Entwicklung eines Schnellnachweissystems für die Detektion von Listeria monocythoenes in Milch
QS-Listeria
Dezember 2017 – August 2021
BMWi

Entwicklung von biofunktionellen Gefäßimplantaten mit antithrombogener Beschichtung
Teilprojekt: Charakterisierung der generierten Oberflächen und oberflächennahen Schichten und Bewertung der Thrombogenität
AntiThromb
April 2018 – April 2020
BMBF

Früher adäquate Sepsis-Therapie mittels Ionenmobilitätsspektrometrie-basierter Diagnostik
Teilprojekt:Referenzanalytik für die Keimidentifikation und sterile Probenahme
FAST-IMS
September 2017 – Februar 2021
BMBF

Lokale Kontrolle der Schilddrüsenhormonwirkung
Teilprojekt P10: Lokale TH-Wirkung in der akuten und chronischen kardialen Ischämie
TR296 LocoTact
Juli 2020 – Juni 2024
DFG

Nicht-Radioaktive Ionisierung für Spektrometrie und Spektroskopie
NORISC
Juli 2020 – Juni 2023
BMBF

Optimierung von GRK5-Inhibitoren für die Therapie von Herzinsuffizienz und Herzhypertrophie
ChInValue
Januar 2020 – Dezember 2022
BMBF

Standardisierung der Totalreflexions-Röntgenfluoreszenzanalyse durch neuartige nanoskalige Kalibrierproben
TRFA-KAL
Oktober 2018 – Dezember 2020
BMWi

Twinning in atmospheric Plasma science and applications
TImPANI
November 2018 – April 2022
EU

Use flexible Tube Micro Plasma (FμTP) for Lipidomics
BIOplasma
Mai 2019 – Oktober 2020
EU

Verfügbarkeit von Information durch Analyse unter Ressourcenbeschränkung
Teilprojekt B2: Ressourcen-optimierte Echtzeitanalyse stark Artefakt-behafteter Bildsequenzen zur Detektion von Nanoobjekten
SFB 876
Januar 2011 – Dezember 2021
DFG

Schutzrechte
Industrial Property Rights

Patente
Patents

Anordnung und Verfahren zur Wellenlängenkalibration bei einem Echelle-Spektrometer
EP-Patent: EP1472512 (validiert in Großbritannien, Schweden, Schweiz, Frankreich und Deutschland)
US-Patent: US7215422
AU-Patent: AU2003210190
CN-Patent: ZL03803518.9
JP-Patent: JP4534487B2

Anordnung für Polarisations-Anisotropie – Spektroskopie mit parallelem Reflektionsstrahleneingang
DE-Patentanmeldung: DE102014119228
EP-Patent: EP3035034
(erteilt und validiert in Deutschland)

Anordnung zur gleichzeitigen Messung der Raman-Streuung und Fluoreszenz
DE-Patentanmeldung: DE102016110210

Biomolekulare Marker zur in-ovo Geschlechts-bestimmung von Vögeln mit Hilfe der Magnetischen Resonanz-Spektroskopie »Birdsexing«
EP-Patentanmeldung: EP18214008

Doppelresonanz-Mikrostreifenleiter-Probenkopf mit nur einer Aussparung und magnetischer Suszeptibilitätsanpassung »Mehrfachresonanzkopf mit Hilfsinduktivität«
DE-Patent: DE102014115572

Doppelresonanz-Probenkopf auf Mikrostreifenleiterbasis für die kernmagnetische Resonanzspektroskopie an massen- und volumenbegrenzten Proben
DE-Patent: DE102014107296

Duales Ionenmobilitätsspektrometer
DE-Patent: DE102009008266

Echelle-Spektrometer mit verbesserter Detektorenausnutzung »Aryelle«
EP-Patent: EP1754032 (erteilt und validiert in Großbritannien, Frankreich, Österreich und Deutschland)
US-Patent: US7804593
AU-Patent: AU200522809
CN-Patent: CN101014841

Echelle-Spektrometeranordnung mit interner Vordispersion
EP-Patenet: EP2384424 (validiert in Großbritanien, Österreich, Deutschland, Frankreich und Schweiz)
CN-Patent: CN102378904
US-Patent: US8681329

Ellipsometervorrichtung und Ellipsometrie-verfahren zur Untersuchung einer Probe – Einzelschussellipsometer
DE-Patentanmeldung: DE102016202971

Herstellung eines leitenden Filaments mit Isolation fur den 3D-Druck »Filament«
DE-Patentanmeldung: DE102020109649.6

IMS mit Plasma als Ionisationsquelle
EP-Patent: EP2082221 (validiert in Großbritannien, Frankreich, Spanien und Deutschland)
US-Patent: US7973279

Vorrichtung zur Detektion und Charakterisierung von organischen Molekülen in einem flüssigen Probenvolumen
DE-Patentanmeldung: DE102016101001

Mikrostreifenleiter Probenkopf mit dreiecksförmiger Einschnürung
EP-Patent: EP3350610 (validiert in Deutschland)

Mikrostreifenleiter-Probenkopf zur Erzeugung von Gradienten des äußeren Magnetfeldes in kernresonanzspektroskopischen Messungen
DE-Patent: DE102015115996

Niederfeld-NMR mit selektiven Pulsen – Pocket-NMR
DE-Patentanmeldung: DE102016124177
PCT-Patentanmeldung: WO2018108600
US-Patent: US10782256

Oberflächen-plasmonenresonanz Mikroskopie mit Dunkelfeldabbildung zum Nachweis einzelner Nanoteilchen »SPR-Blende«
DE-Patentanmeldung: DE102017116055

Optische Beobachtung von Nanoteilchen
DE-Patentanmeldung: DE102009003548
US-Patent: US8587786

Platelet Measurement System – Blutplättchenmesssytem
EP-Patent: EP2990787 (validiert in Frankreich, Spanien, Österreich, Großbritanien, Italien und Deutschland)
US-Patent: US9778248
JP-Patentanmeldung: JP2016048236
CN-Patentanmeldung: CN105388202

proDful
DE-Patentanmeldung: DE102016114392

Vorrichtung zur Entnahme einer Probe und zur Zuführung in ein analytisches Auswertesystem
EP-Patent: 2977741 (validiert in Deutschland und Großbritanien)
US-Patent: US9874578

Spektrometeranordnung »SuZee«
EP-Patent: EP2516975 (validiert in Großbritannien, Frankreich und Deutschland)
US-Patent: US8873048
CN-Patent: CN102656431

Verfahren zur Anreicherung N-terminaler Peptide »ChaFRAtip«
DE-Patentanmeldung: DE102017104 774

Verfahren zur Auswertung von Echelle-Spektren / Mike-Patent 1 »Binning«
DE-Patent: DE10055905
US-Patent: US7319519
EP-Patent: EP1336084 (validiert in Irland, Niederlande, Großbritannien, Frankreich und Deutschland)

Verfahren zur Auswertung von Echelle-Spektren / Mike-Patent 2 »Wellenlängenanbindung«
US-Patent: US7876435
EP-Patent: EP1783468 (validiert in Irland, Niederlande, Großbritannien, Frankreich und Deutschland)

Verfahren zur Auswertung von Echelle-Spektren / Mike-Patent 3 »Untergrund-Korrektur«
EP-Patent: EP2068134 (validiert in Großbritannien, Frankreich, Österreich, Schweiz und Deutschland)

Verfahren zur dielektrisch behinderten Elektrosprayionisierung von flüssigen Proben und zur nachfolgenden massenspektrometrischen Analyse der erzeugten Probenionen »Getaktetes DB-Elektrospray«
DE-Patent: DE102011015517
EP-Patent: EP2691974 (validiert in Deutschland, Spanien, Frankreich und Großbritanien)
JP-Patent: JP5814458

Verfahren zur Ionisierung von gasförmigen Proben mittels dielektrisch behinderten und zur nachfolgenden der erzeugten Probeionen in einem Analysegerät »FµTP«
DE-Patentanmeldung: DE102017112726
EP-Patentanmeldung: 187306501
US-Patentanmeldung: US 16/615172

Verfahren zur Identifizierung von Markerproteinen zur Diagnose und Risikostratifizierung von Störungen der Blutgerinnung
EP-Patent: EP3295177 (validiert in Großbritannien, Frankreich, Schweiz, Österreich, Spanien, Italien und Deutschland)
US-Patentanmeldung: US 2018/136221 Al
CN-Patent: CN202010371718.7
JP-Patentanmeldung: JP2018521306

Verfahren zur Ionisierung von gasförmigen Proben mittels dielektrisch behinderten und zur nachfolgenden der erzeugten Probeionen in einem Analysegerät
DE-Patent: DE102016104852
EP-Patentanmeldung: EP3430640

Absolvent:innen
Graduates

Dissertationen
Dissertations

Bioanalytik

Stefan Loroch
Highly sensitive global phosphorylation analysis of complex biological samples using ERLIC in conjunction with LC-MS
Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften, Universität Hamburg

Grenzflächenanalytik

Julian Plaickner
Optical characterization of gold-induced nanowires on vicinal silicon surfaces and interaction with organic molecules
Institut für Festkörperphysik, Fakultät II – Mathematik und Naturwissenschaften, Technische Universität Berlin

Kristina Lovrek
Deposition and covalent immobilization of Porphyrin and Maleimide on a Si(111) surface
Institut für Chemie, Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät, Humboldt-Universität zu Berlin

Translationale Forschung

Theresa Brand
Mitochondriale Funktion im Kontext β-adrenerger Signalwege
Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Medizinische Fakultät, Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Sebastian Burhenn
Zeit- und ortsaufgelöste Emissionsspektrometrie an einer dielektrisch behinderten Entladung zur Messung flüchtiger Elementspezies
Fakultät Physik, Technische Universität Dortmund

Nenad Eppli
Untersuchung des Einflusses der ERK1/2-Autophosphorylierung an Threonin 188 auf Mausherzen mittels transgener Mäuse mit ubiquitärer Überexpression von ERK2T188D
Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Medizinische Fakultät, Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Jan Josef Hait
Prophylaktische Loop-Recorder Implantation zur Detektion kardialerRhythmusstörungen bei Patienten mit Fabry-Kardiomyopathie
Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Medizinische Fakultät, Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Felix David Klute
Characterization of dieletric barrier discharges for analytial applications
Fakultät Phyisk, Technische Universität Dortmund

Theopisti Maimari
The influence of N-terminal peptides of G-protein coupled receptor kinase (GRK) 2, 3 and 5 on ß-adrenergic signaling
Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Medizinische Fakultät, Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Constanze Schanbacher
Regulation und Funktion des Raf Kinase Inhibitor Proteins unter ischämischen Bedingungen
Institut für Pharmakologie und Toxikologie, Medizinische Fakultät, Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Pascal Vogel
Wechselwirkung von Nichtgleichgewichtsplasmen mit kontrollierter Atmosphäre zur effizienten Ionisierung molekularer Analyten
Fakultät Physik, Technische Universität Dortmund

Abschlussarbeiten
Degree Theses

Bioanalytik

Kerstin Kappler, M. Sc.
Entwicklung und Einsatz neuer fluoreszenzbasierter Messaufbauten zur Untersuchung des Zusammenhangs von Aktivität und Diffusionsgeschwindigkeit bei Enzymen
Fachhochschule Münster

Sofie Wilk, B. Sc.
Raman-Spektroskopische Messung des enzymatischen Lactose Umbaus durch ß-Galactosidase in Flüssigkeit.
Hochschule Hamm-Lippstadt

Grenzflächenanalytik

Timo Seemke, Dipl.
Optische Eigenschaften von GaN-Schichten unter uniaxialem Stress
Technische Universität Berlin, Fakultät II, Mathematik und Naturwissenschaften, Institut für Festkörperphysik

Translationale Forschung

Annika Fechner, M. Sc.
Kopplung eines miniaturisierten Thermodesorptionschips und einer µ-Plasma-Ionisierungsquelle zur Analyse flüssiger Proben mittels Ionenmobilitätsspektrometrie
Hochschule Hamm-Lippstadt

Milja Grahovac, M. Sc.
Multimodal Microspectroscopic Imaging and Spectral Processing
Ruhr-Universität Bochum, Fakultät für Chemie und Biochemie

Al Shahrair Hossain, M. Sc.
Improving the detection limit of surface plasmon resonance (SPR) imaging microscopy for low abundance virus detection.
Lasers and Photonics Program, Faculty of Electrotechnolgy and Informationstechnology, Ruhr-Universität Bochum

Daniel Jatjuck, B. Sc.
Studie zur antibakteriellen Wirksamkeit eines im SLM-Verfahren gefertigten Stahl-Silber-Materials
Fachbereich Maschinenbau, Fachhochschule Dortmund

Markus Knieb, B. Sc.
Entwicklung einer Prüfmethode für Beläge von Tischtennisschlägern mittels Headspace-Gaschromatographie-Ionenmobilitätsspektrometrie (HS-GC-IMS)
Hochschule Hamm-Lippstadt

Anton Penner, B. Sc.
Entwicklung eines Reinigungsverfahrens für MEMS-basierte µGC- und Anreicherungschips für die Spurenanalytik
Hochschule Hamm-Lippstadt

Tina Saeidi, M. Sc.
Linear and Nonlinear Raman spectroscopic imaging with multivariate statistical analysis for characterization of cardiac involvement in Fabry disease
Faculty of Electrical Engineering and Information Technology, Ruhr-Universität Bochum

Stipendien
Scholarships

Mohammad Ibrahim Alwahsh
Faculty of Pharmacy,
Al-Zaytoonah University of Jordan, Jordanien
März 2018 – März 2021

Ahmed Bathi
An-Najah N. University, Nablus,
West Bank, Palästina
Juli 2017 – Juli 2020

Suyuan Chen
Chengdu Institute, University of
Chinese Academy of Sciences, China
September 2017 – September 2021

Luis Moran
Venezuelan Institute for
Scientific Research, Venezuela
Oktober 2017 – April 2020

Dr. Guanghui Niu
Sichuan University, Chengdu, China
September 2019 – Februar 2021

Robert Zielinski
Technische Universität Berlin
Juli 2017 – Juni 2021

Auszeichnungen
Awards

Bioanalytik

Matthias Jender
Best Poster-Award
Best Poster-Award 53rd Annual Meeting
of the German Society for
Mass Spectrometry, Münster
4. März 2020

Translationale Forschung

Kristina Lorenz
Nomination for AcademiaNet
Expert Database of Outstanding
Female Academics
1. Dezember 2020

ISAS-Mitgliedschaften in Fachverbänden
ISAS Memberships in Scientific Associations

Deutsche Vereinte Gesellschaft für Klinische Chemie und Laboratoriumsmedizin e.V. (DGKL)
Bonn

German Society for Extracellular Vesicles (GSEV) e.V.
Freiburg

Gesellschaft Deutscher Chemiker e.V. (GDCh)
Frankfurt / Main

idw Informationsdienst Wissenschaft e.V.
Bochum

IGAFA Initiativgemeinschaft Außeruniversitärer Forschungseinrichtungen in Adlershof e.V.
Berlin

InChITrust
c/o FIZ CHEMIE
Berlin

IVAM e.V., Fachverband für Mikroelektronik
Dortmund

Leibniz-Gemeinschaft e.V.
Berlin

MedEcon Ruhr e.V.
im Innovationszentrum Gesundheitswirtschaft
Bochum

NanoMikroWerkstoffePhotonik e.V. – NMWP. NRW
Düsseldorf

Umweltforschungsdatenbank UFORDAT
Dessau-Roßlau

windo e.V. – Arbeitsgemeinschaft der Wissenschaftsinstitutionen
c/o Technische Universität Dortmund
Dortmund

Wissenschaftsforum Ruhr e.V.
Arbeitsgemeinschaft der Forschungsinstitute Ruhrgebiet
Essen

Fördermittelgeber
Funding Sources

Das ISAS wird institutionell gefördert von

GEFÖRDERT VOM
Bundesministerium für Bildung und Forschung

Ministerium für Kultur und Wissenschaft des Landes Nordrhein-Westfalen

be Berlin
Der Regierende Bürgermeister von Berlin
Senatskanzlei
Wissenschaft und Forschung

Weitere Fördermittelgeber

be Berlin
Der Regierende Bürgermeister von Berlin
Senatskanzlei
Wissenschaft und Forschung

GEFÖRDERT VOM
Bundesministerium für Bildung und Forschung

Gefördert durch:
Bundesministerium für Wirtschaft und Energie

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

DAAD

DFG

EFRE.NRW
Investitionen in Wachstum und Beschäftigung

EUROPÄISCHE UNION

EUROPÄISCHE UNION
Europäischer Fonds für Regionale Entwicklung

Leibniz Gemeinschaft

Ministerium für Kultur und Wissenschaft des Landes Nordrhein-Westfalen

IMPRESSUM
IMPRINT

Herausgeber | Editor
Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften – ISAS – e. V.

Amtsgericht *(Local Court)* Dortmund VR 1724
St.-Nr. *(Tax No.)* 317/5940/0866
USt.-Id.-Nr. *(VAT ID)* DE 124913007

Postfach 101352, 44013 Dortmund
Bunsen-Kirchhoff-Straße 11, 44139 Dortmund
P +49 (0) 231 1392-0
F +49 (0) 231 1392-120

info@isas.de · www.isas.de

Vorstand | Executive Board
Prof. Dr. Albert Sickmann
Jürgen Bethke

Chefredaktion | Chief editorship
Sara Rebein (SR)

Redaktion | Editorial staff
Caroline Eckmann (CE), Pauline Jürgens (PJ), Cheyenne Moon Peters (CMP)

presse@isas.de

Bildredaktion | Picture editorial staff
Carolin Jordan, Cheyenne Moon Peters

Gestaltung & Illustration | Design & Illustration
labor b designbüro · www.laborb.de

Layout | Layout
SLOE KommunikationsDESIGN · www.sloe.de

Fotografien | Photos
Sofern nicht anders angegeben | *If not mentioned differently*
Hannes Woidich, Visuelle Konzepte für Industrie, Wissenschaft und Kultur · www.hanneswoidich.de

S. 37 | *P. 37*: Universität Bielefeld / S. Sättele
S. 55 | *P. 55*: Dr. Sebastian Brandt / ISAS
S. 62 | *P. 62*: Prof. Dr. Matthias Gunzer / Imaging Center Essen

Der ISAS-Jahresbericht wurde klimaneutral auf dem Recyclingpapier Enviro®Polar gedruckt. | *ISAS' annual report has been printed climate neutrally on the recycled paper Enviro®Polar.*