

HAUPTPROGRAMM



05.–06. Mai 2022
congress centrum weimarhalle



small dense LDL

Für eine verbesserte kardiovaskuläre Risikoabschätzung



Auch bei unauffälligen LDL-Cholesterinwerten kann durch die zusätzliche Bestimmung von small dense LDL das kardiovaskuläre Risiko erheblich besser klassifiziert werden.

Small dense LDL vervollständigt das Lipid-Portfolio von Roche Diagnostics und schafft zielgenaue Risikoprofile.

Find out more on
www.roche.de/lipidparameter



cobas[®]

Grußwort	5
Allgemeine Informationen	6
Unterstützer	10
Aussteller	12
Lageplan	13
Detailprogramm	16
Abstracts	20





Besuchen Sie auch die Kongresswebsite!

Grußwort

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

im Namen des wissenschaftlichen Programmkomitees heißen wir Sie zur 8. Mitteldeutschen Laborkonferenz in Weimar herzlich willkommen.

Die Mitteldeutsche Laborkonferenz, die diesmal turnusmäßig in Weimar und damit zum zweiten Mal in der „Stadt der Dichter und Denker“ stattfindet wird, hat sich in den letzten Jahren mit einem thematisch breit gefächerten Programm zu einem festen Bestandteil in der labormedizinischen Weiterbildung etabliert. Sie richtet sich gleichermaßen an Nachwuchswissenschaftler, Ärzte in Weiterbildung, medizinisch-Technische Assistentinnen/-en und erfahrene Kollegen, nicht nur aus der Labordiagnostik, sondern auch aus anderen Fachbereichen.

Auch zur 8. Tagung werden wir der Tradition folgend ein Programm gestalten, dass sich ausgehend von aktuellen Themen der täglichen Routine über neue analytisch-methodische Fortschritte bis hin zu interdisziplinären richtungweisenden Entwicklungen in Forschung und Krankenversorgung erstreckt.

Freuen Sie sich auf interessante und spannende Beiträge, aus den Themenbereichen Hämatologie und Hämostaseologie, Sepsis und systemische Inflammation, zur Zellulären- und Autoimmundiagnostik und zu neuen Anwendungen der Massenspektrometrie sowie zur neuen EU-Verordnung für In-vitro-Diagnostika (IVDR). Wir freuen uns, dass Sie neben den Hauptvorträgen auch endlich wieder einmal ausreichend Möglichkeit zum direkten interdisziplinären Erfahrungsaustausch und zur Diskussion mit Kolleginnen und Kollegen haben können.

Wir begrüßen Sie recht herzlich hier in Weimar zur 8. Mitteldeutschen Laborkonferenz!

Herzlichst Ihr Programmkomitee

Priv.-Doz. Dr. Dr. Michael Kiehntopf
Universitätsklinikum Jena

Dr. Karin Borucki
Universitätsklinikum Magdeburg

Prof. Dr. Uta Ceglarek
Universitätsklinikum Leipzig

Prof. Dr. Triantafyllos Chavakis
Universitätsklinikum Dresden

Prof. Dr. Dr. Thomas Demant
Krankenhaus Dresden-Friedrichstadt

Prof. Dr. Berend Isermann
Universitätsklinikum Leipzig

Dr. Oliver Tiebel
Universitätsklinikum Dresden



WISSENSCHAFTLICHE LEITUNG

Priv.-Doz. Dr. Dr. Michael Kiehnopf
Universitätsklinikum Jena

WISSENSCHAFTLICHES KOMITEE

Dr. Katrin Borucki, Universitätsklinikum Magdeburg
Prof. Dr. Uta Ceglarek, Universitätsklinikum Leipzig
Prof. Dr. Triantafyllos Chavakis, Universitätsklinikum Dresden
Prof. Dr. Dr. Thomas Demant, Krankenhaus Dresden-Friedrichstadt
Prof. Dr. Berend Isermann, Universitätsklinikum Leipzig
Dr. Oliver Tiebel, Universitätsklinikum Dresden

VERANSTALTER UND KONGRESSBÜRO

event lab. GmbH

Richard-Lehmann-Str. 12
04275 Leipzig
Homepage: www.eventlab.org

VERANSTALTUNGORT

congress centrum weimarhalle

UNESCO-Platz 1
99432 Weimar

PARKPLÄTZE

Am congress centrum weimarhalle befindet sich direkt ein Parkhaus für Sie, welches kostenpflichtig ist.

REGISTRIERUNGSCOUNTER

Der Registrierungscounter befindet sich im Eingangsbereich des Seminargebäudes des congress centrum weimarhalle.

Öffnungszeiten:

Donnerstag, 05.05.2022 12:00 – 18:15 Uhr
Freitag, 06.05.2022 08:30 – 17:15 Uhr

NAMENSSCHILDER

Für die Zulassung zu allen Konferenzfunktionen und Vorträgen sowie zum Ausstellungsbereich ist das Tragen Ihres Namensschildes erforderlich.

KONGRESSBEGLEITENDE AUSSTELLUNG

Die kongressbegleitende Ausstellung befindet sich im Seminargebäude des congress centrum weimarhalle.

Öffnungszeiten Industrieausstellung:

Donnerstag, 05.05.2022 12:00 – 21:00 Uhr
Freitag, 06.05.2022 10:00 – 15:30 Uhr

RAHMENPROGRAMM

Das Get-together findet am Donnerstag, den 05.05.2022 ab 18:15 Uhr auf der Außenterrasse des Seminargebäudes sowie in der kongressbegleitenden Ausstellung statt.

Es erwartet Sie ein Abendprogramm, welches mit Speis, Trank und Musik, die allerbesten Zutaten eines schönen Abends bereithält.



ZERTIFIZIERUNG

Für die Teilnahme an der 8. Mitteldeutschen Laborkonferenz können Fortbildungspunkte wie folgt angerechnet werden:

Donnerstag, 05.05.2022 7 Punkte | Kategorie A

Freitag, 06.05.2022 7 Punkte | Kategorie A

Die Fortbildungspunkte können Sie über Ihre Anmeldebestätigung und Ihre Teilnahmebescheinigung ausweisen.

Wenn Sie Ihre Fortbildungsnummer bei der Registrierung nicht angegeben haben, können Sie diese am Registrierungscounter nachtragen lassen. Die Daten werden automatisch an die Landesärztekammer Thüringen weitergeleitet.

HYGIENEMASSNAHMEN

Das Tragen eines medizinischen Mund-Nasen-Schutzes ist beim Betreten der Location und in allen Bereichen erforderlich. Ist der Abstand von 1,50 m gewährt, ist das Tragen des MNS nicht nötig.

Denken Sie bitte an Ihre Gesundheit und die Ihrer Kolleginnen und Kollegen.

EVALUIERUNG

Um den Qualitätsstandard weiter zu verbessern und Ihre Interessen besser zu berücksichtigen, benötigen wir Ihre Unterstützung. Daher möchten wir Sie bitten, unsere Evaluierung zur diesjährigen Laborkonferenz auszufüllen.



Ganz einfach digital



SAVE THE DATE!

20.–21. APRIL 2023
KONGRESSHALLE AM ZOO
LEIPZIG

Schwerpunkte

- Molekulare Diagnostik: von der Forschung in die Patientenversorgung
- Lipide jenseits von LDL und HDL
- Neugeborenencreening und seltene Erkrankungen
- Künstliche Intelligenz in der Labormedizin

Wissenschaftliche Leitung

Prof. Berend Isermann
Prof. Dr. rer. nat. Uta Ceglarek
Dr. Mitja Heinemann
UNIVERSITÄTSKLINIKUM LEIPZIG AöR
Institut für Laboratoriumsmedizin, Klinische Chemie und Molekulare Diagnostik
Paul-List-Straße 13-15 | 04103 Leipzig
www.uniklinik-leipzig.de/ilm

Wissenschaftliches Komitee

Prof. Dr. rer. nat. Uta Ceglarek Universitätsklinikum Leipzig
Prof. Dr. Triantafyllos Chavakis Universitätsklinikum Dresden
Dr. Mitja Heinemann Universitätsklinikum Leipzig
Prof. Dr. med. Berend Isermann Universitätsklinikum Leipzig
PD Dr. Dr. Michael Kiehnopf Universitätsklinikum Jena

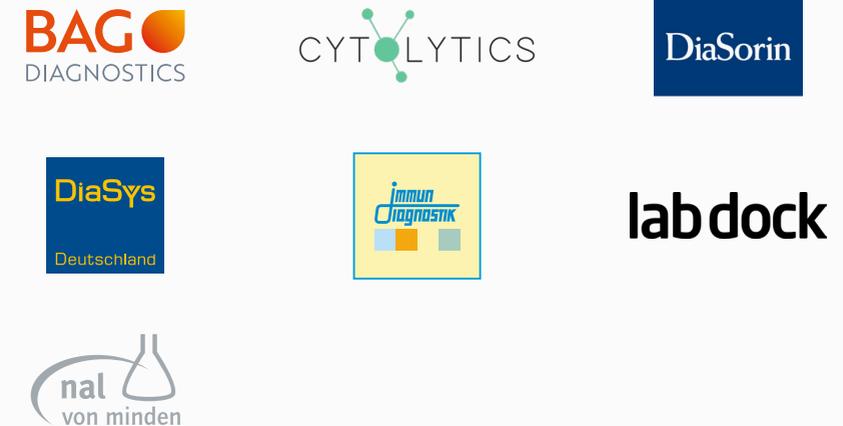


WIR BEDANKEN UNS FÜR IHRE UNTERSTÜTZUNG!



Die Inhalte dieser Veranstaltung werden produkt- und dienstleistungsneutral gestaltet.
Wir bestätigen, dass die wissenschaftliche Leitung und die Referenten potentielle Interessenkonflikte gegenüber den Teilnehmern offenlegen.

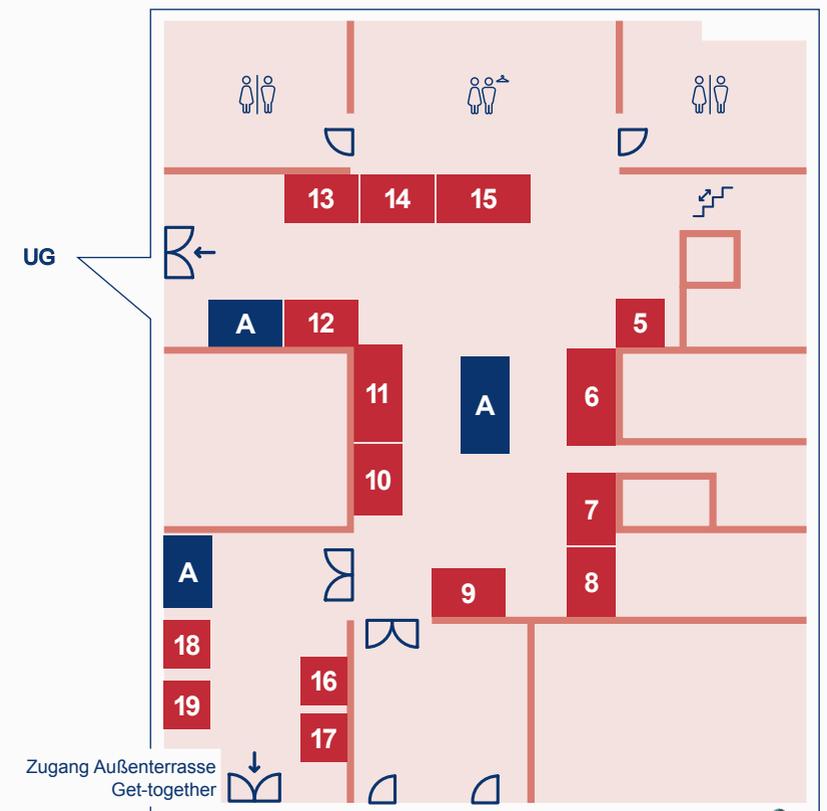
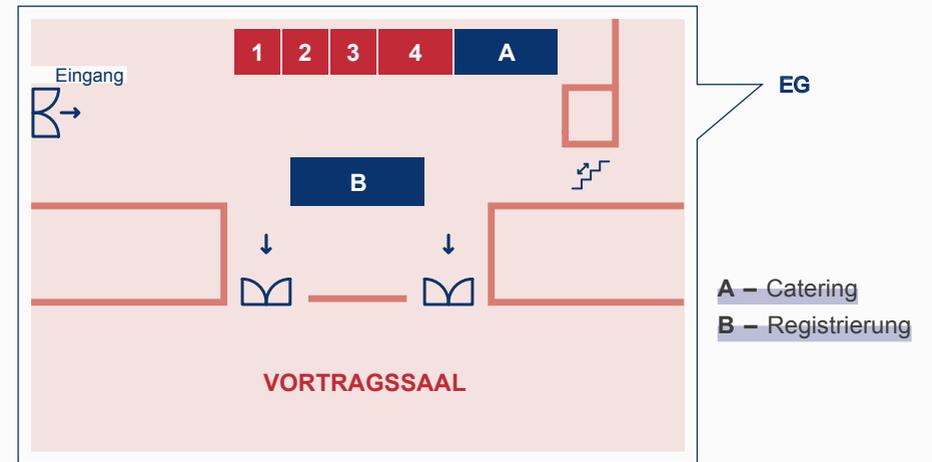
Gemäß den Vorgaben für Zertifizierungen durch die Landesärztekammer legen wir auf der Tagungs-Homepage unter <https://mitteldeutsche-laborkonferenz.de/unterstuetzer/> die finanzielle Unterstützung aller Sponsoren offen.

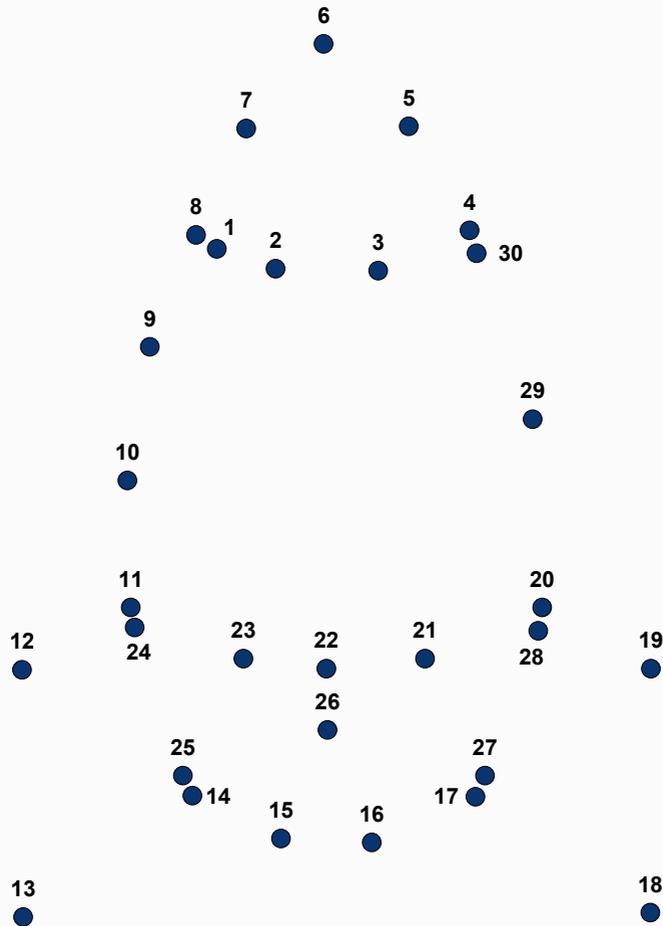


Aussteller

Lageplan EG/UG
weimarhalle

Aussteller	Nr.
ASKION GmbH	13
BAG Diagnostics GmbH	19
COMED Computerorganisation in der Medizin GmbH	14
Cytolytics GmbH	5
DiaSorin Deutschland GmbH	1
DiaSys Deutschland Vertriebs - GmbH	2
Immundiagnostik AG	3
Kibion GmbH	8
labdock GmbH	17
MEDIPAN GMBH	18
nal von minden GmbH	16
Promega GmbH	4
Roche Diagnostics Deutschland GmbH	15
SARSTEDT AG & Co. KG	12
Sebia GmbH	10
Stago Deutschland GmbH	7
Sysmex Deutschland GmbH	11
Tosoh Bioscience GmbH	6
Werfen GmbH	9





Unsere Lösung für die klinische Flowzytometrie

Intelligente Automation für höchste Effizienz in Ihrem Workflow

- Leistungsstarke Lösung für die klinische Flowzytometrie – von der Probenvorbereitung bis zur Datenanalyse
- Modulares System, das sich dem Labor-Workflow anpasst
- Vollständige Nachverfolgbarkeit von Proben-, QC- und Reagenziendaten
- Über 200 CE-IVD-CyFlow-Antikörperreagenzien decken die wichtigsten zehn Farben-Panels ab



www.sysmex.de/cfm

Die Antikörperreagenzien werden von der Sysmex Partec GmbH produziert · www.sysmex-partec.com
Die Zentrifuge wird von der Hettich AG produziert · www.hettich.ch

Donnerstag, 5. Mai 2022

📍 Seminarraum I+II

13:00 – Begrüßung
13:05 🗣️ *Michael Kiehntopf, Jena*

13:05 – Grußwort
13:15 🗣️ *Prof. T. Kamradt, Jena*

13:15 – SESSION I: Gerinnung/Hämatologie
15:15 🗣️ *Vorsitz: Oliver Tiebel, Dresden*

13:15 – von Willebrand-Erkrankung - Update 2022: Aktuelles aus den Guidelines & dem realen Leben
13:45 🗣️ *Kristina Schilling, Jena*

13:45 – DOAKs – Alles bekannt!? Ein Update
14:15 🗣️ *Ingvild Birschmann, Bad Oeynhausen*

14:15 – Hämatologie 2022: Update zu ausgewählten aktuellen zelltherapeutischen Ansätzen
14:45 🗣️ *Marco Herling, Leipzig*

14:45 – Hämophilie-Therapie mit Faktoren und inzwischen auch Antikörpern natürlich, was denn sonst – Steht eine neue Ära vor der Tür?
15:15 🗣️ *Felix Lansing, Dresden*

15:15 – Kaffeepause
15:45

15:45 – SESSION II: Inflammation/Sepsis
17:15 🗣️ *Berend Isermann, Leipzig | Michael Kiehntopf, Jena*

15:45 – Biophotonik – Ein Game-Changer in der Diagnostik und Therapie von Infektionen?
16:15 🗣️ *Jürgen Popp, Jena*

16:15 – „Theranostics“ in der intensivmedizinischen Versorgung der Sepsis – Eine klinische Standortbestimmung
16:45 🗣️ *Michael Bauer, Jena*

16:45 – Rolle und Biosynthese von Lipidmediatoren bei mikrobiellen Infektionen
17:15 🗣️ *Oliver Werz, Jena*

17:15 – Kaffeepause
17:30

17:30 – Key Note
18:15 🗣️ *Vorsitz: Michael Kiehntopf, Jena*

Können wir das Altern abschaffen? Möglichkeiten und Grenzen der Altersforschung
🗣️ *Christoph Englert, Jena*

ab 18:15 Get-together im UG und auf der Außenterrasse

Freitag, 6. Mai 2022

📍 Seminarraum I+II

09:00 – SESSION III: IVDR und QM im Labor
10:30 🗣️ *Vorsitz: Thomas Demant, Dresden | Christoph Weisbrich, Leipzig*

09:00 – IVDR Update
09:30 🗣️ *Michael Vogeser, München*

09:30 – Ist ein LIS ein IVD?
10:00 🗣️ *Thomas Streichert, Köln*

10:00 – Zusammenspiel IVDR - Akkreditierung
10:30 🗣️ *Uwe Zimmermann, Berlin*

10:30 – Kaffeepause
10:45

10:45 – SESSION IV: Massenspektrometrie/Metabolomics (SN)
12:15 🗣️ *Vorsitz: Uta Ceglarek, Leipzig*

10:45 – Spatial and single-cell metabolomics
11:15 🗣️ *Theodore Alexandrov, Heidelberg*

11:15 – Massenspektrometrische Diagnostik von SARS-CoV-2
11:45 🗣️ *Marc Kipping, Halle (Saale)*

11:45 – Steroidhormondiagnostik Update 2021
12:15 🗣️ *Alexander Gaudl, Leipzig*

12:15 – Mittagspause
13:15

12:30 – Lunchsymposium
13:15 *weitere Informationen siehe S. 19*



13:30 – 15:00	SESSION V: Zelluläre und Autoimmundiagnostik 👤 <i>Vorsitz: Triantafyllos Chavakis, Dresden Katrin Borucki, Magdeburg</i>
13:30 – 14:00	Autoantikörper bei SARS-CoV-2-Infektion und -Vaccinierung 👤 <i>Karsten Conrad, Dresden</i>
14:00 – 14:30	Massenzytometrische Zellanalyse in der klinischen Forschung 👤 <i>Sabine Baumgart, Jena</i>
14:30 – 15:00	Einzelzellanalytik in der Infektionsimmunologie 👤 <i>Christina Zielinski, Jena</i>
15:00 – 15:15	Kaffeepause
15:15 – 17:05	SESSION VI: Künstliche Intelligenz in der Labormedizin 👤 <i>Vorsitz: André Scherag, Jena Jakob Adler, Magdeburg</i>
15:15 – 15:35	Künstliche Intelligenz – Nur Buzzword oder mehr? 👤 <i>Jakob Adler, Magdeburg</i>
15:35 – 16:05	Identifikation und potentielle Anwendungen von DNA-Methylierungssignaturen 👤 <i>Steve Hoffmann, Jena</i>
16:05 – 16:35	Interpretierbares Machine Learning 👤 <i>Alexander Tolios, Wien</i>
16:35 – 17:05	Anwendung von KI-Methoden in der Routinediagnostik 👤 <i>Niroshan Nadarajah, München</i>
17:05 – 17:35	Schlusswort und Ausblick 👤 <i>Michael Kiehnopf, Jena Berend Isermann, Leipzig</i>

12:45 –
13:10

Tosoh Bioscience GmbH
LUNCHSYMPOSIUM am 6. Mai 2022

Dieser Inhalt ist nicht Teil des wissenschaftlichen Programmes.
Inhaltlich ist Tosoh Bioscience GmbH verantwortlich.



TOSOH

HbA1c und Hämoglobinopathien
👤 *Matthias Weber, Karlsruhe*



Abstracts

— Hier finden Sie die wissenschaftlichen Beiträge, welche zur Veröffentlichung eingereicht wurden.

Abstracts

Hämatologie 2022: Update zu ausgewählten aktuellen zelltherapeutischen Ansätzen

In meinem Vortrag „Update zu ausgewählten aktuellen zelltherapeutischen Ansätzen“ werde ich ein-führend tumorimmunologische und immuntherapeutische Prinzipien erläutern, dann Beispiele kon-ventioneller und moderner zelltherapeutischer Verfahren, wie der allogenen Stammzelltransplantation oder Antikörper-basierte Strategien besprechen, um dann etwas detaillierter das CAR-T-Zell Prinzip als Herzstück des Vortrags näher zu behandeln. Der Vortrag wird auch den Begriff des ATMP erläu-tern. An Beispielen klinischer Einsatzgebiete (z.B. den lymphatischen Neoplasien) werden Effektivitäts- und Sicherheitsdaten derartiger Prinzipien besprochen. Ein Überblick auf die dynamische Landschaft der zugelassenen Produkte für bestimmte Lymphomentitäten wird gegeben. Anhand spezifischer Limitationen der einzelnen zelltherapeutischen Verfahren (biologisch, prozessual, finan-ziell) werden die Herausforderungen der Zukunft in diesen Bereichen aufgezeigt. Ein Ausblick auf technische Machbarkeiten zur Erhöhung von Versatilität, Individualität und Effektivität soll die Ausführungen abschließen.

MARCO HERLING, Leipzig



- seit 2021** geschf. Oberarzt, Hämatologie, Zelltherapie, Hämostaseologie, UK Leipzig (lymphatische Npl., Zelltherapie, Exploration molekularer Vulnerabilitäten)
- seit 2007** Lt. d. AG, "Lymphozytäres Signaling & Onkoproteom" (<https://herlinglab.com/>)
- 2019–2021** Oberarzt, Med. Klinik I, UK Köln
- 2019** Venia legendi Innere Medizin, UK Köln
- 2010–2018** Gastprofessur, Dept. of Hematopathology, UT M.D. Anderson Cancer Center
- 2007–2010** Ltg. Diagnost. Durchflusszytometrie, Med. Klinik I, UK Köln
- 2002–2006** Post-doc., Dept. of Hematopathology, UT MDACC, Houston, USA
- 2000–2002** Assistenzarzt, Klinik I f. Innere Medizin, Universität Freiburg i.Br.
- 1994–1999** Dissertation, Institut f. Pathologie, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, "Prä-sarkomatöse Läsionen der Ratte"
- 1992–1999** Medizinstudium MLU und University of Texas (UT), Houston, USA



Hämophilie-Therapie mit Faktoren und inzwischen auch Antikörpern natürlich, was denn sonst – Steht eine neue Ära vor der Tür?

Trotz Fortschritten bei Nuklease-basierten Genome-Editing-Technologien, bleibt die Korrektur krankheitsverursachender genomischer Inversionen eine Herausforderung. Wir Beschreiben zum ersten Mal die mögliche Verwendung eines Rekombinase-basiertes Systems zur Korrektur einer 140-kb-Inversion des F8-Gens. Diese Inversion wird häufig bei Patienten mit schwere Hämophilie A diagnostiziert und kann derzeit noch nicht korrigiert werden. Durch gerichtet Evolution haben wir ein heterodimeres Rekombinasesystem (RecF8) entwickelt, welches bis zu 30% der Zielsequenz in menschlichen Gewebekulturzellen invertiert. Transiente RecF8-Behandlung von Endothelzellen, differenziert aus patienteneigenen induzierten pluripotenten Stammzellen von einem hämophilen Spender, korrigiert 12% der F8-Inversion was zur Reaktivierung der F8 Expression führt. In dieser Arbeit präsentieren wir Designer-Rekombinasen als effizientes und spezifisches Mittel zur Behandlung monogener Krankheiten, die durch große Geninversionen verursacht werden.

FELIX LANSING, Dresden



Felix Lansing schloss sein Studium in Molekularbiologie (B.Sc., Universität Bielefeld) und Regenerativer Biologie und Medizin (M.Sc., TU Dresden) mit Auszeichnung ab. Erst kürzlich hat er seine Promotion (summa cum laude) an der Medizinischen Fakultät Dresden im Labor von Prof. Frank Buchholz beendet. In den letzten fünf Jahren hat sich Felix zu einem Experten in der Entwicklung von Designer-Rekombinasen als neuartige Werkzeuge für die präzise Genbearbeitung entwickelt. Er veröffentlichte mehrere Artikel in renommierten Fachzeitschriften und hat den Ehrgeiz, Rekombinasen in die Klinik zu bringen.

Biophotonik – Ein Game-Changer in der Diagnostik und Therapie von Infektionen?

Die rasche Ausbreitung lebensbedrohlicher Infektionen (sowohl bakterieller als auch viralen Ursprungs) machen Infektionskrankheiten weltweit zu einer der Haupttodesursachen. Die erfolgreiche Behandlung von Infektionen hängt entscheidend ab von: (I) der Bestimmung der Immunreaktion / Wirtsantwort, (II) einer raschen Identifizierung des Infektionserregers und, im Falle von Bakterien, seines Antibiotikaresistenzmusters und (III) das Ansprechen auf eine Behandlung. In diesem Beitrag werden wir unsere jüngsten Arbeiten zur Anwendung biophotonischer Ansätze mit Fokus auf der Raman-Spektroskopie zur Beantwortung dieser drei drängenden und bisher nur unzureichend adressierten Fragen präsentieren. Die vorgestellten biophotonischen Point-of-Care-Ansätze umfassen die gesamte Prozesskette, d. h. von speziell zugeschnittenen Probenahmeverfahren bis hin zum endgültigen Diagnoseergebnis, und haben ein hohes Potenzial, den kritischen Parameter „Zeit“ für die Einleitung einer personalisierten lebensrettenden Therapie im Vergleich zum Goldstandard Mikrobiologie erheblich zu reduzieren.

Danksagung: Der Europäischen Union, dem Thüringer Ministerium für Wirtschaft, Wissenschaft und Digitale Gesellschaft, der Thüringer Aufbaubank, dem Bundesministerium für Bildung und Forschung, der Deutschen Forschungsgemeinschaft wird für die finanzielle Unterstützung gedankt.

JÜRGEN POPP, Jena



Jürgen Popp ist seit 2002 Lehrstuhlinhaber für Physikalische Chemie an die Friedrich-Schiller-Universität Jena, wo er seit 2006 auch in Personalunion wissenschaftlicher Direktor des Leibniz-Instituts für Photonische Technologien e.V. ist. Sein wissenschaftliches Hauptinteresse gilt der Biophotonik. Gemeinsam mit Partnern hat er das Jenaer Leibniz-Zentrum für Photonik in der Infektionsforschung erworben, welches eines von drei im Rahmen der Nationalen Roadmap für Forschungsinfrastrukturen geförderten Projekte ist. Für seine Arbeiten wurde Jürgen Popp mit zahlreichen Preisen ausgezeichnet, wie z.B. dem Pittsburgh Spectroscopy Award oder dem dritten Preis des Berthold Leibinger Innovationspreises, um nur zwei zu nennen.



„Theranostics“ in der intensivmedizinischen Versorgung der Sepsis – Eine klinische Standortbestimmung

Sepsis ist die häufigste Todesursache auf der Intensivstation und gehört zu den Top 10 der Todesursachen weltweit. Entzündungsmediatoren, insbesondere CRP und PCT sind in der Routine als Standard der Therapieentscheidung bei Patienten mit Fieber, Organdysfunktion und insbesondere hämodynamischer Instabilität etabliert. In den letzten Jahren hat sich jedoch herausgestellt, dass nur eine Minderheit der Patienten unter dem Bild einer überschießenden proinflammatorischen Reaktion des Immunsystems versterben, während eine Dysfunktion der Wirtsantwort mit führender „Immunparalyse“ zu einer erhöhten Anfälligkeit für sekundäre (opportunistische) Infektionen beiträgt. Obwohl Infektionskontrolle und supportive Intensivtherapie die Eckpfeiler der Behandlung insbesondere in der frühen Phase der Sepsis bleiben, ist die „theranostische“ Erkennung einer „Immundefizienz“ derzeit, zum Teil als Folge der COVID Pandemie dabei einen Paradigmenwechsel in der Behandlung von Sepsis und Organdysfunktion einzuleiten. Hier hinken die (in der Routine verfügbaren) Laborparameter des Immun- und Organfunktionsmonitorings der aktuellen Entwicklung in der Forschung als „Flaschenhals“ einer klinischen Etablierung dieser Therapiekonzepte hinterher.

MICHAEL BAUER, Jena

ist Professor und Direktor der Klinik für Anästhesiologie und Intensivmedizin und Sprecher des Integrierten Forschungs- und Behandlungszentrums Sepsis und Sepsisfolgen (CSCC) des Universitätsklinikums Jena.

Nach Promotion und Post-doc zu Fragen der Leberdysfunktion an der Johns Hopkins Universität arbeitete er zu Mechanismen des Organversagens sowie Systembiologie der systemischen Inflammation/Sepsis. Er ist in die Koordination mehrerer großer DFG und BMBF geförderter Verbundprojekte, wie den Forschungscampus „InfectoGnostics“ eingebunden und war Mitglied der Task Force zur Neudefinition der Sepsis (Sepsis-3).

Rolle und Biosynthese von Lipidmediatoren bei mikrobiellen Infektionen

Infektionskrankheiten sind Hauptursache für weltweite Morbidität und Mortalität, wobei die Erreger im Zuge der Immunantwort eine akute Entzündung im Wirt auslösen. Die Initiierung, Progression und Auflösung infektiöser Entzündungen werden von Lipidmediatoren (LM) reguliert, die von Lipoxygenasen und Cyclooxygenasen aus mehrfach ungesättigten Fettsäuren, u.a. in Makrophagen, produziert werden. Bestimmte LM, wie Prostaglandine und Leukotriene, können einerseits zu massiven und entzündlichen Prozessen führen, wohingegen spezialisierte Pro-Resolving-Mediators (SPM) die Beseitigung von Mikroorganismen, die Auflösung infektiöser Entzündungsprozesse und die Geweberegeneration fördern. Wir erforschen molekulare und zelluläre Mechanismen, die der Initiierung und Auflösung von mikrobiell-bedingten Entzündungen durch LM zugrunde liegen. Die Analyse der LM erfolgt mit Hilfe aufwändiger UPLC-MS-MS Verfahren, mit denen es gelingt, ca. 70 LM in biologischen Matrices (LOD ca. 1 pg) nachzuweisen. Wir zeigten, dass Makrophagen nach Infektion mit pathogenen Bakterien (z.B. E. coli, S. aureus) Phänotyp-spezifische LM-Signaturen mit entweder pro-inflammatorischen oder entzündungsauflösenden Wirkungen biosynthetisieren, was durch bakterielle Exotoxine über Aktivierung spezifischer Lipoxygenasen ausgelöst wird. Gezielte Manipulation der LM-Biosynthese könnte Wirtsfunktionen so modulieren, dass mikrobielle Infektionen effektiv bekämpft werden und die Homöostase wiederhergestellt wird.

OLIVER WERZ, Jena

Prof. Dr. Oliver Werz hat in Tübingen von 1988-1992 Pharmazie studiert, ist Apotheker, und hat 1996 im Fach Pharmazeutische Chemie an der Univ. Tübingen promoviert. Nach Postdoc-Aufenthalt an der Univ. Frankfurt (1996-1997) und dem Karolinska Institut Stockholm bei Nobellaureat Bengt Samuelsson (1998-2000) erfolgte 2002 die Habilitation für das Fach Pharmazeutische Chemie an der Univ. Frankfurt. 2005 wurde er zum Professor (W3) für Pharmazeutische Analytik an der Univ. Tübingen ernannt. Rufe an die Univ. Wien und Münster lehnte er ab und wechselte 2010 schließlich auf eine W3-Professur an die Friedrich-Schiller-Univ. Jena, wo er seitdem den Lehrstuhl für Pharmazeutische/Medizinische Chemie leitet. 2015/2016 war er Gastprofessor an der Harvard Medical School in Boston/USA.



Können wir das Altern abschaffen? Möglichkeiten und Grenzen der Alternsforschung

Seit etwa 150 Jahren steigt die durchschnittliche Lebenserwartung in den Industrienationen um etwa 3 Monate pro Jahr. Dieser Trend scheint ungebrochen und weckt bestimmte Erwartungen. Die beiden extremen Positionen dabei sind zum einen das Szenario, den Tod abzuschaffen, zum anderen die Akzeptanz der Sterblichkeit des Menschen und die Beschränkung seiner Lebenserwartung von etwa 120 Jahren. Aber was bestimmt eigentlich diesen Grenzwert: sind es die Gene oder ist es die Umwelt bzw. unser Verhalten? Und gibt es allgemeine Prinzipien des Alterns oder altern unterschiedliche Tierarten durch ganz verschiedene Mechanismen? Nach einem Einblick in die eigene Forschung an einer besonders kurzlebigen Fischart soll schließlich auch die Frage nach der möglichen Verlangsamung des Alterns oder – im extremen Fall – die Möglichkeit zur Verjüngung (Rejuvenation) adressiert werden.

CHRISTOPH ENGLERT, Jena



Christoph Englert hat in Tübingen Biochemie studiert und seine Dissertation am Max-Planck-Institut für Biochemie in München angefertigt. Nach einem dreijährigen Aufenthalt als Postdoc an der Harvard Medical School war er von 1996 bis 2001 Forschungsgruppenleiter am Forschungszentrum Karlsruhe, wo er auch habilitiert hat. Seit 2004 ist der Professor für Molekulare Genetik an der Friedrich-Schiller-Universität Jena und leitet eine Arbeitsgruppe am Leibniz Institut für Alternsforschung – Fritz Lipmann Institut (FLI). Das Forschungsinteresse seiner Arbeitsgruppe gilt neben der Organentwicklung und –homöostase der Altersabhängigkeit von Regenerationsvorgängen sowie den genetischen Grundlagen des Alterns.

IVDR Update

Die In-vitro-Diagnostik in der Europäischen Union steht mit der Einführung einer neuen Verordnung, der In-vitro-Diagnostik-Verordnung (IVDR), vor einem grundlegenden Wandel. Ursprünglich sollte die IVDR (nach einer fünfjährigen Übergangsphase) Ende Mai 2022 in Kraft treten, jedoch hat der EU-Gesetzgeber im Januar 2022 eine differenzierte Teilverschiebung der Anwendung wichtiger Teile der IVDR beschlossen. Die wichtigste Neuerung und Errungenschaft der IVDR besteht darin, dass die meisten kommerziell hergestellten IVD-Produkte nun von unabhängigen (wenn auch kommerziellen) benannten Stellen zertifiziert werden müssen - anstelle des bisherigen Systems der Selbstzertifizierung durch die Hersteller. Die benannten Stellen stehen unter der Aufsicht der Mitgliedsstaaten. Da wichtige Regulierungsprozesse auf EU-Ebene nicht rechtzeitig umgesetzt worden sind, wurde das Inkrafttreten der IVDR für kommerzielle IVDs – je nach Risikoklasse - auf 2025 bis 2027 verschoben. Für die IVD-Industrie erfordert der Produktzertifizierungsprozess erhebliche zusätzliche Ressourcen für die Einhaltung der Vorschriften. Dies kann dazu führen, dass einige Hersteller Nischenprodukte aus dem Markt nehmen müssen. Zusätzlich zu den kommerziellen Produkten sind einige Elemente der IVDR auch für hausintern hergestellte Produkte verpflichtend, insbesondere Anhang I (allgemeine Sicherheits- und Leistungsanforderungen), und zwar bereits ab Mai 2022. Dies gilt insbesondere für hausintern hergestellte Kalibrier- und Kontrollmaterialien und Reagenzien. Die Definition der hausinternen Produkte in Artikel 2 (IVDR) umfasst keine Messmethoden, und der Begriff LDT (laboratory developed test) wird von der IVDR nicht verwendet. Die Einhaltung dieser Verordnung wird nicht auf EU-Ebene kontrolliert, sondern dies fällt in die Zuständigkeit der Mitgliedsstaaten - wie dies auch für die Medizinproduktebetriebersverordnung gilt.

MICHAEL VOGESER, München



Prof. Dr. med. Michael Vogeser, Arzt für Laboratoriumsmedizin, Zusatzbezeichnung Ärztliches Qualitätsmanagement, ist Oberarzt im Institut für Laboratoriumsmedizin des LMU Klinikums in München. Er ist Sprecher der AWMF-ad-hoc-Kommission In-vitro-Diagnostik, die sich insbesondere mit der Implementierung der IVDR auseinandersetzt.



Ist ein LIS ein IVD?

Eine neue Anforderung für Laboratorien ergibt sich aus dem erweiterten Geltungsbereich der IVDR: Die IVDR definiert nicht nur ein Reagenz, Reagenzprodukt, Kalibrator, Kontrollmaterial, Kit, Instrument, Apparat, Gerät, sondern auch eine

Software oder ein Softwaresystem als Medizinprodukt, sofern es vom Hersteller zur In-vitro-Untersuchung von aus dem menschlichen Körper stammenden Proben, einschließlich Blut- und Gewebespenden, bestimmt ist. So kann eine Software durchaus ein IVD im Sinne der IVDR werden. Viele Laboratorien haben im Laufe der Zeit Software entwickelt, beginnend vom einfachen Excel-Tool, über Algorithmen bis hin zu komplexen Lösungen zur Abbildung von diagnostischen Pfaden, der Unterstützung oder sogar vollautomatisierten Befundung oft eingebettet in die jeweiligen LIS. Dabei werden Laboratorien ggfs. (Software-) Hersteller im Sinne der IVDR. Dieser Vortrag versucht die kritischen Aspekte zu Software zu beleuchten und die Frage zu beantworten, ob ein LIS ein IVD ist.

THOMAS STREICHERT, München



PD Dr. Thomas Streichert ist Direktor des Instituts für Klinische Chemie und Ärztlicher Leiter des Zentrums für Labordiagnostik. Er arbeitet zurzeit in verschiedenen Gremien zur Digitalisierung im Gesundheitswesen: BfArM KKG AG LOINC (Kuratorium für Fragen der Klassifikation im Gesundheitswesen beim Bundesministerium für Gesundheit), KBV/ mio42: Fachreview Laborbefund in der ePA und ist Leiter der Subgruppe Software der AWMF-Kommission IVD.

Zusammenspiel IVDR – Akkreditierung

In dieser Präsentation werden die regulatorischen Anforderungen an die Qualitätssicherung von medizinisch diagnostischen Laboratorien mit dem Schwerpunkt „Inhouse-Tests“ mit der Vorgehensweise im Rahmen von Akkreditierungen auf Basis der DIN EN ISO 15189 in Beziehung gesetzt.

Dabei werden die aktuellen Anforderungen mit den Anforderungen ab 26.05.2022 (gültig werden der relevanten Artikel der IVDR) verglichen.

UWE ZIMMERMANN, Berlin



Studium der Biologie
Laborerfahrung im Bereich der Umwelt und Wasseranalytik
Erfahrung im Aufbau eines Umweltmanagementsystems

Seit über 20 Jahren in Akkreditierungsstellen tätig, u.a. als Leitenden Begutachter, Verfahrensmanager, Trainer, Leiter unterschiedlicher Einheiten.
Seit 2010 Leiter der Abteilung 3 in der deutschen Akkreditierungsstelle, verantwortlich für die Akkreditierung u.a. in den Bereichen Medizinische Laboratorien, Pathologie, Biobanken.

Als Peer-Evaluator für EA (European Accreditation) und ILAC (International Laboratory Accreditation Cooperation) tätig.



Spatial and single-cell metabolomics

Recent discoveries put metabolism into the spotlight. Metabolism not only fuels cells but also plays key roles in health and disease. In parallel, emerging single-cell technologies opened a new world of cell types and states previously hidden beneath population averages. Yet, methods for discovering links between metabolism, cell states, metabolic plasticity and reprogramming on the single-cell level and in situ are crucially lacking. Our research aims to bridge this gap. First, I will explain how the emerging technology of imaging mass spectrometry can be used for the spatial profiling of metabolites, lipids, and drugs in tissues.

I will present our cloud and Artificial Intelligence-powered platform METASPACE which is increasingly used across the world. In the second part of my talk I will present our method SpaceM for spatial single-cell metabolomics in situ. SpaceM detects >100 metabolites from >1,000 individual cells/hour together with a fluorescence based read-out and morpho-spatial features. We used SpaceM to show that stimulating human hepatocytes with fatty acids led to the emergence of two co-existing subpopulations outlined by distinct cellular metabolic states. Inducing inflammation with the cytokine IL-17A perturbs the balance of these states in a process dependent on NF- κ B signalling. The metabolic-state markers were reproduced in a pre-clinical in vivo murine model of non-alcoholic steatohepatitis. Overall, such methods open novel avenues for understanding metabolism in tissues and cell cultures on the single-cell level.

THEODORE ALEXANDROV, Heidelberg



Theodore Alexandrov is a team leader at the European Molecular Biology Laboratory (EMBL), the head of the EMBL Metabolomics Core Facility and a faculty of the Molecular Medicine Partnership Unit between EMBL and Heidelberg University. The Alexandrov team at EMBL aims to reveal the secrets of metabolism in time and space in tissues and single cells by developing experimental and computational methods. The work of Alexandrov team led to over 95 journal publications and 6 patents in the field of spatial and single-cell -omics. Theodore Alexandrov has co-founded and scientifically directed the company SCILS on software for imaging mass spectrometry. In 2022, he is launching a BioStudio startup-in-making project at the Bioinnovation Institute in Copenhagen aimed at commercialization of single-cell metabolomics for drug discovery.

Massenspektrometrische Diagnostik von SARS-CoV-2

Als sich im Frühjahr 2020 die Covid-19 Pandemie ausbreitete, gerieten eine Vielzahl der zur Bekämpfung nötigen Ressourcen an ihre Grenzen. Dazu zählten auch die Nachweismöglichkeiten der Infektion. Dies war der erste Anstoß für eine schnelle Suche nach Alternativen. Bei der Probenahme am Patienten wurden Gurgellösungen statt Swab Stäbchen eingesetzt und auch bei der Analyse der Proben wurde nach Alternativen zu der zunächst ausschließlich eingesetzten RT-qPCR gesucht. Dabei schien der Einsatz massenspektrometrischer Methoden von Anfang an vielversprechend, da die Technik hochempfindlich ist, einen hohen Probendurchsatz erlaubt, auf etablierte Geräte zurückgreifen kann und flexibel auf Veränderungen im Virus reagieren kann. Der erstmalige massenspektrometrische Nachweis von SARS-CoV-2 Proteinen gelang in Halle im März 2020 [1]. Aufbauend darauf gründete sich u.a. die Covid-19 MS Coalition [2]. Ziel unserer Arbeiten war seitdem die Anpassung der Methode für schnelle, robuste und hochempfindliche Massenspektrometrie unter Einsatz von LC-MRM [3] bzw. MALDI-ToF. Die dabei verwendeten Massenspektrometer findet man nicht nur in Forschungseinrichtungen sondern auch in klinischen Routinelaboren.

Ein weiterer Vorteil der massenspektrometrischen SARS-CoV-2 Analytik ist die wesentlich höhere quantitative Genauigkeit als bei RT-qPCR und den parallel entwickelten und mittlerweile stark verbreiteten Antikörper-basierten Antigen-tests. Massenspektrometrische Analytik erlaubt daher auch die genauere Beurteilung der Probenahmequalität und der Nachweisgrenzen. Ein Aspekt, den die Massenspektrometrie zugänglich macht, ist auch die schnellste Anpassung des Nachweises bei Virus Mutationen bzw. die Anpassbarkeit auf andere Viren wie zum Beispiel Influenza.

MARC KIPPING, Halle (Saale)



Dr. Marc Kipping wurde 1973 in Merseburg geboren und studierte an der Martin-Luther-Universität in Halle Biochemie. 2001 schloss er seine Dissertation zur Untersuchung der Raumstruktur von Proteinen mittels H/D-Austausch- Massenspektrometrie ab, deren zugrundeliegende Arbeiten er in der Max-Planck-Forschungsstelle für Enzymologie der Proteinfaltung bei Prof. Gunter Fischer durchgeführt hatte. Nach der Arbeit als Post-Doc arbeitete er von 2003 bis 2019 für die Waters Corporation im Bereich Proteinanalytik. Seit 2020 ist Dr. Kipping zurück in Halle und am Zentrum für Strukturelle Massenspektrometrie angestellt. In dem von Prof Andrea Sinz geleiteten Zentrum finden seit Ausbruch der Covid-19 Pandemie auch Arbeiten zur Entwicklung alternativer Tests für SARS-CoV-2 unter Verwendung der Massenspektrometrie statt, in die er involviert ist.

[1] Ihling, C., Tänzler, D., Hagemann, S., Kehlen, A., Hüttelmaier, S., Artl, C., & Sinz, A. (2020). Mass Spectrometric Identification of SARS-CoV-2 Proteins from Gargle Solution Samples of COVID-19 Patients. *Journal of proteome research*, 19(11), 4389–4392.

[2] Struwe, W., Emmott, E., Bailey, M., Sharon, M., Sinz, A., Corrales, F. J., Thalassinou, K., Braybrook, J., Mills, C., Barran, P., & COVID-19 MS Coalition (2020). The COVID-19 MS Coalition-accelerating diagnostics, prognostics, and treatment. *Lancet* (London, England), 395(10239), 1761–1762.

[3] Kipping, M., Tänzler, D., & Sinz, A. (2021). A rapid and reliable liquid chromatography/mass spectrometry method for SARS-CoV-2 analysis from gargle solutions and saliva. *Analytical and bioanalytical chemistry*, 413(26), 6503–6511.



Steroidhormonanalytik – Update 2022

Alexander Gaudl¹

¹Institut für Laboratoriumsmedizin, Klinische Chemie und Molekulare Diagnostik

In den letzten 15 Jahren entwickelte sich die massenspektrometrische Steroidhormonanalytik von einer Forschungsanwendung, vorbei an immunologischen Methoden, hin zum analytischen Goldstandard für den täglichen Routineeinsatz (z.B. Cortisol VK $\leq 4\%$), auf welchen wiederum neue Generationen von Immunoassays referenziert werden. Dieser Einsatz ist durch eingeschränkte Möglichkeiten der Automatisierung und hohe fachliche Anforderungen an das Personal, sowohl für den Betrieb hochsensitiver LC MS/MS Systeme als auch für die Auswertung der komplexen Datensätze, geprägt. Trotzdem stieg die Teilnahme massenspektrometrischer Methoden an Ringversuchen innerhalb der letzten zehn Jahre um das Zehnfache. Aktuelle Laborvergleiche fördern die weitere Standardisierung der verschiedenen LC-MS/MS Assays und damit die Genauigkeit und Vergleichbarkeit der Ergebnisse. Mittels Etablierung neuer Steroid-Biomarker in Routineapplikationen wird in aktuellen Studien die Verbesserung der diagnostischen Effizienz geprüft. Zur Differenzierung der Hyperandrogenämie wurden vier 11 oxygenierten Androgene (11 Hydroxy-Androstendion/-Testosteron und 11-Keto-Androstendion/-Testosteron) in unser Routine-LC-MS/MS Setup für Steroidhormone unter Beibehaltung der gleichen Probenaufarbeitung integriert. Mit VKs $\leq 13\%$, Wiederfindungsraten zwischen 85% und 116% sowie LLOQs ≥ 63 pmol/l werden momentan Referenzbereiche im Altersbereich 0-80 Jahre erstellt und es wird anhand von Studienproben geprüft, ob eine Etablierung als Routineparameter diagnostisch sinnvoll ist.

ALEXANDER GAUDL, Leipzig



Dr. rer. nat. Alexander Gaudl
Analytischer Chemiker. Discoteer. Game Nerd. Diva. Spezialisiert auf quantitative Massenspektrometrie. Interessiert an der Interaktion zwischen neuroendokriner Stressachse und Endocannabinoid-System hinsichtlich Entwicklung von Depression.

Heute–2018 Laborleiter, wiss. MA am ILM Leipzig: Entwicklung, Validation sowie Betreuung von LC-MS/MS Methoden in klinischen Studien und Routinediagnostik

2018–2013 Doktorand, wiss. MA am ILM Leipzig: Dissertation: „Steroid hormone analysis via LC-MS/MS in clinical routine diagnostics“

2013–2009 Student, Chemie M.Sc. an der Universität Leipzig: Masterarbeit am ILM Leipzig zum Thema: „Quantifizierung von Endocannabinoiden mittels LC-MS/MS“

Tel.: +49 179 14 36 215

Email: alexander.gaudl@medizin.uni-leipzig.de

ResearchGate: www.researchgate.net/profile/Alexander_Gaudl

Massenzytometrische Zellanalyse in der klinischen Forschung

Die Einzelzellanalytik ist ein sich stets weiter entwickelndes Gebiet. Die 2009 eingeführte CyTOF (= Cytometry time of flight) Technologie oder Massenzytometrie ist im Vergleich zu der konventionellen Durchflusszytometrie eine relativ neue Technologie und kombiniert die Massenspektrometrie mit der Durchflusszytometrie in einem Gerät.

Die Antikörper-basierte Methode setzt im Vergleich zur Durchflusszytometrie keine Fluorochrom-gekoppelten Antikörper ein, sondern gelabelte Antikörper mit Metallisotopen. Derzeit können ca. 50 unterschiedliche Markermoleküle inklusive Zytokine und Transkriptionsfaktoren gleichzeitig auf einer Zelle in einer einzigen Messung ohne signifikante Signalüberlappung detektiert werden. Die multiplexe Methode ermöglicht damit eine umfassende phänotypische Charakterisierung von Immunzellen in biologischen Flüssigkeiten wie Blut, Urin u.a oder von isolierten Zellen aus Geweben. Um Interaktionen zwischen den Zellen innerhalb von Geweben zu analysieren, wurde die massenzytometrische Technologie weiterentwickelt und kann auch mit einem Imaging-Modul gekoppelt werden.

Die Massenzytometrie ist für die klinische Diagnostik bislang noch nicht zertifiziert, findet jedoch vielfache Anwendung in der klinischen Forschung zur Beantwortung von immunologischen Fragestellungen.

SABINE BAUMGART, Jena



Dr. Sabine Baumgart leitet seit 2020 das Gerätezentrum Zytometrie im Institut für Immunologie am Universitätsklinikum in Jena (Prof. Dr. med. Mathias Pletz). Nach Abschluss als staatlich geprüfte Lebensmittelchemikerin expandierte sie ihr Wissen auf dem Gebiet der massenspektrometrischen Proteinanalytik (Cornell Universität Ithaca, NY, USA: Prof. Fred McLafferty; Core Facility Dr. Sheng Zhang). Mit der Installation des allerersten Massenzytometers in Deutschland 2012 am Deutschen Rheumaforschungszentrum Berlin (DRFZ, Dr. Andreas Grützka) leistete sie Pionierarbeit bei der Etablierung der Technologie und ist seitdem aktiv an der Weiterentwicklung dieser Technologie für die klinische Forschung beteiligt.



Einzelzellanalytik in der Infektionsimmunologie – neue Erkenntnisse für Diagnostik und Immunmonitoring*Prof. Dr. med. Christina Zielinski**Leiterin Infektionsimmunologie am Leibniz Institut für Naturstoffforschung und Infektionsbiologie*

Die Immunologie hat in den letzten Jahren eine wegweisende Transformation erlebt, die durch die Entwicklung neuer hochdimensionaler Einzelzelltechnologien und Analysestrategien im maschinellen Lernen angetrieben wurde. Das menschliche Immunsystem kann nun deshalb mit höchster Präzision auf Einzelzellebene analysiert werden. Dies führte zur Identifikation neuer Zelltypen und funktioneller Zellzustände, die zum einen neue Erkenntnisse über fundamentale Mechanismen der Immunregulation liefern, allerdings auch neue zelluläre Biomarker für Erkrankungen und ein individuelles Immunmonitoring darstellen. Geweberesidente T-Zellen zeigen eine besonders hohe Spezialisierung und spezifische Adaptation an das Mikromilieu. Mit Einzelzell-Chimärismus-Analysen nach allogener Stammzelltransplantation konnten wir zeigen, dass Empfänger-T-Zellen trotz myeloablativer Chemotherapie über zwei Jahre in der der Haut persistieren können bei komplettem Donorchimärismus im Blut und Knochenmark. Langlebige geweberesidente T-Zellen unterscheiden sich mittels spezifischer Gensignaturen von neu einwandernden Donor-T-Zellen. Zudem konnten wir zeigen, dass Natriumchlorid ein relevanter Gewebefaktor ist, der die Immunantwort von T-Zellen moduliert.

CHRISTINA ZIELINSKI, Jena

Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology & Friedrich-Schiller-University Jena

Christina Zielinski studierte Medizin an der Universität Heidelberg, an der Harvard University und Duke University. Sie promovierte über die Rolle von T-Zellen in Lupus erythematosus an der Yale University. Während ihres Postdocs als DFG-Stipendiatin in der Schweiz erforschte sie die Regulation humaner Th17 Zellen. Sie etablierte daraufhin als Clinician Scientist ihre eigene Forschergruppe an der Charité in Berlin, wo sie auch ihre Facharzt Ausbildung in Dermatologie und eine Spezialisierung in Allergologie absolvierte. 2015 wurde sie zur Professorin des Deutschen Zentrums für Infektionsforschung an der TU München ernannt. Seit 2021 ist sie Lehrstuhlinhaberin der Abteilung Infektionsimmunologie am Leibniz Institut für Naturstoffforschung und Infektionsbiologie in Jena.

Identifikation und potentielle Anwendungen von DNA-Methylierungs-signalen

Die technologischen Fortschritte in der Bestimmung epigenomischer Veränderungen wie der Cytosin-Methylierung ermöglichen neue Einblicke in die Genomregulation. Neben der Aufklärung molekularer physiologischer und pathophysiologischer Mechanismen können diese chemischen Modifikationen der DNA und ihrer assoziierten Proteine auch als potente Biomarker in der Diagnostik, Klassifikation und Vorhersage dienen. In der Altersforschung haben die epigenomischen Uhren besondere Aufmerksamkeit auf sich gezogen. Die auf Verfahren der künstlichen Intelligenz (KI; engl. AI) und des maschinellen Lernens (ML) basierenden Uhren machen es möglich, das chronologische Alter eines Individuums mit erstaunlicher Genauigkeit vorherzusagen. In der Regel bedarf es dazu nur weniger DNA-Methylierungsmesswerte (clock CpGs). Trotz der erstaunlichen Vorhersagekraft dieser Modelle ist es bisher nur unzureichend gelungen, den molekularen Zusammenhang zwischen Methylierungsveränderungen an clock CpGs und Alterungsprozessen herzustellen. An dieser Stelle offenbart sich eine dringende Notwendigkeit, die Ergebnisse von KI-Methoden besser erklären zu können (explainable AI). Im Rahmen dieses Vortrages gehen wir die Grundlagen der heute zum Einsatz kommenden epigenomischen Uhren ein und stellen alternative Wege vor, altersassoziierte epigenomische Veränderungen molekular aufzuklären.

STEVE HOFFMANN, Jena

Steve Hoffmann (Dr. med., Dr. rer. nat.) ist promovierter Mediziner und Informatiker. Seit Ende 2017 ist er Professor für Computational Biology an der Friedrich-Schiller-Universität Jena und Senior Group Leader am Leibniz-Institut für Altersforschung – Fritz-Lipmann-Institut (FLI). Eines seiner primären Forschungsinteressen ist die Integration und Analyse epigenomischer Daten. Zu diesem Zweck nutzt und entwickelt die Gruppe von Steve Hoffmann aktiv neue Algorithmen zur Aufklärung essentieller genomregulatorischer Zusammenhänge. Das Methodenportfolio das auch Verfahren aus dem Bereich des statistischen und maschinellen Lernens umfasst, ist zentraler Bestandteil von zahlreichen Krebs- und Altersforschungsprojekten.



Interpretierbares Machine Learning

Im medizinischen Setting ist die Anwendung von „black box“-Modellen problematisch. Zum einen ist es schwierig, die Korrektheit solcher Verfahren zu überprüfen, zum anderen muss das medizinische Personal die Letztverantwortung über eine diagnostische oder therapeutische Entscheidung übernehmen, obwohl es die algorithmische Entscheidungsfindung nicht nachvollziehen kann.

Durch die Anwendung von interpretierbaren Erweiterungen für Algorithmen künstlicher Intelligenz (explainable artificial intelligence, XAI) besteht die Möglichkeit, diesen „black box“-Modellen unter die Motorhaube zu schauen. Einige dieser Verfahren und deren mögliche Interpretation soll im Rahmen dieses Vortrags dargestellt werden.

ALEXANDER TOLIOS, Wien

Alexander Tolios ist Mediziner (Facharzt für Laboratoriumsmedizin, Assistenzarzt für Transfusionsmedizin) und Bioinformatiker (Schwerpunkt: data science, predictive modeling, GNU/Linux IaC und Systemadministration) und aktuell an der Medizinischen Universität Wien tätig.



HbA1c ist viel mehr *als nur eine Zahl*



**Zuverlässiges,
standardisiertes
Diabetesmonitoring**



**Trennung
unterschiedlicher
Hämoglobine**



**Voll automatisierbare,
individuelle Lösungen**



TOSOH G11 Analyser
Ihre 1. Wahl in der HbA1c-Analytik

Kontaktieren Sie uns für weitere Informationen:
contact-dach@tosoh.com



