**DEUTSCHE VERSION**

**Erfolgreiche Akquisition eines 2,2 Millionen Euro Zuschusses für die Core Facility für medizinische Proteomik am Forschungsinstitut für Augenheilkunde in Tübingen**

Das Team der Core Facility für medizinische Proteomik, geleitet von Karsten Boldt freut sich bekannt zu geben, dass es unter Leitung von Professor Marius Ueffing (Institut für Augenheilkunde) erfolgreich ein Zuschuss in Höhe von 2,2 Millionen Euro von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) akquiriert werden konnte. Diese bedeutende finanzielle Unterstützung markiert einen wichtigen Meilenstein auf dem Weg zur Etablierung von LC-MS-basierten Proteom-Anwendungen und wird zweifellos wegweisende Erkenntnisse in der medizinischen Forschung ermöglichen.

Die LC-MS-basierte Proteomik ist eine Methode, mit der Wissenschaftler Proteine in biologischen Proben untersuchen können. Durch die Kombination von Flüssigchromatographie (LC) und Massenspektrometrie (MS) können Forscher Krankheiten besser verstehen, indem sie Veränderungen in Proteinmengen oder -modifikationen identifizieren. Diese Technologie wird nicht nur in der Biotechnologie eingesetzt, um neue Medikamente oder Therapien zu entwickeln, sondern auch zur Bekämpfung spezifischer Krankheitsauslöser.

Die Zuwendung durch die DFG ist eine überzeugende Bestätigung für das Engagement der Core Facility für medizinische Proteomik für Exzellenz und Innovation. Mit dieser finanziellen Unterstützung wird das Team zwei hochmoderne Massenspektrometer-Instrumente erwerben können, die an der Spitze der Proteomik-Technologie stehen. Diese Geräte ermöglichen eine präzise, spezifische und sensible Analyse einer Vielzahl biologischer Proben und werden den Standard der Proteom-Forschung an der Medizinischen Fakultät der Universität Tübingen deutlich erhöhen.

In Verbindung mit diesem bedeutenden Erfolg geht die Core Facility für medizinische Proteomik eine strategische Allianz mit Professor Stephan Singer vom Department für Pathologie und Neuropathologieder Medizinischen Fakultät ein. Diese Zusammenarbeit zielt darauf ab, medizinische Proteomik in die klinische Diagnostikforschung zu integrieren, um wegweisende Fortschritte in der personalisierten Medizinforschung zu erzielen.

Die Anschaffung dieser hochmodernen Massenspektrometer wird nicht nur die Fähigkeiten der lokalen Einrichtung verbessern, sondern auch der breiteren wissenschaftlichen Gemeinschaft Vorteile bringen. Forscher aus verschiedenen Disziplinen werden Zugang zu modernsten proteomischen Technologien haben, was die Zusammenarbeit fördert und die Innovation in der medizinischen Forschung vorantreibt.

Die Core Facility für medizinische Proteomik freut sich auf weitere Partnerschaften mit verschiedenen Abteilungen und Institutionen. In der Tat sind Forscher des Departments für Augenheilkunde und zugleich Mitglieder des Teams der Core Facility für medizinische Proteomik (Karsten Boldt, Mohamed Ali Jarboui, Franziska Klose, Nicola Horn und Katrin Dahlke) gespannt auf weitere Zusammenarbeit mit der Abteilung Neurologie mit Schwerpunkt Neurodegenerative Erkrankungen (Prof. Thomas Gasser), dem DZNE (PD Dr. Johannes Gloeckner), der Anästhesiologie und Intensivmedizin (Prof. Peter Rosenberger) und der Experimentellen Pharmakologie (Prof. Robert Lukowski) und freuen sich auf die zukünftige Entdeckungen und Projekte.

Die herausragende Exzellenz des Teams spiegelt sich in zahlreichen Publikationen in renommierten Fachzeitschriften wider, darunter Nature, Nature Communications, Blood und PNAS wieder. Diese Veröffentlichungen unterstreichen das Engagement des Teams für die Förderung des Wissens in der Proteomik und ihrer Anwendungen für das Verständnis von Krankheitsmechanismen wie Ziliopathien, Krebs, neurodegenerativen Erkrankungen und Entzündungen.

Da die Nachfrage nach proteomischer Analyse weiterhin wächst, setzt die Core Facility für medizinische Proteomik ihre Mission fort, wegweisende Entdeckungen zu ermöglichen. Durch Zusammenarbeit, Innovation und unerschütterliches Engagement ist das motivierte Team bereit, neue Einblicke in die Pathogenese von Krankheiten zu gewinnen und Fortschritte bei der klinischen Anwendung von Proteomik zu erzielen.

**Für weitere Informationen und Fragen**

Kontaktperson: Dr. Karsten Boldt

e-mail: [karsten.boldt@uni-tuebingen.de](mailto:karsten.boldt@uni-tuebingen.de)

Tel.: 29-84950

**ENGLISCHE VERSION**

**Successful acquisition of a 2.2 million euro grant for the Core Facility for Medical Proteomics, at the Institute for Ophthalmic Research Center for Ophthalmology in Tübingen**  
  
  
The Core Facility for Medical Proteomics team, headed by Kasten Boldt is proud to announce the successful acquisition of a €2.2 million grant from the German Research Foundation (DFG) under the lead of Professor Marius Ueffing. This substantial financial support marks a significant milestone in its journey towards bringing LC-MS-based Proteomics capabilities and driving medical research breakthroughs. LC-MS-based proteomics is a method used by scientists to study proteins in biological samples. By using liquid chromatography (LC) in combination with mass spectrometry (MS), it helps researchers understand diseases by identifying changes in protein levels or modifications. In biotechnology, it's used to develop new drugs or therapies targeting specific disease drivers.

The grant from DFG represents a resounding endorsement of the Core Facility for Medical Proteomics' dedication to excellence and innovation. With this financial support, the team will be able to acquire two cutting-edge mass spectrometer instruments at the forefront of proteomic technology. These state-of-the-art machines will enhance its capabilities to analyze proteomics landscape within a variety of samples, with unprecedented accuracy, specificity and sensitivity and elevate the standards of proteomics research conducted within the Medical Faculty of the University Tübingen.

In conjunction with this key achievement, the Core Facility for Medical Proteomics is embarking on a strategic alliance with Professor Stephan Singer from the Department for Pathology and Neuropathology of the Medical Faculty. This represents a synergistic fusion of expertise, as the team will strive to integrate medical proteomics into clinical diagnostics research. The aim is to drive transformative advances in personalized medicine research by combining strengths in proteomic analysis with the clinical insights provided by pathologists.

The acquisition of these cutting-edge mass spectrometers will not only enhance the facility's capabilities but also extend benefits to the broader scientific community. Researchers across various disciplines will have access to state-of-the-art proteomic technologies, fostering collaboration and driving innovation in medical research. Indeed, researchers of the Institute for Ophthalmic Research and members of the Core Facility for Medical Proteomics team (Karsten Boldt, Mohamed Ali Jarboui, Franziska Klose, Nicola Horn und Katrin Dahlke) are eager to embark on further partnerships with the Department of Neurology and Neurogenerative Diseases (Prof. Thomas Gasser), the DZNE (PD Dr. Johannes Gloeckner), the Anaesthesiology and Intensive Care (Prof. Peter Rosenberger) and the Experimental Pharmacology (Prof. Robert Lukowski), and are looking forward to the transformative discoveries and collaborations that lie ahead.

The illustrious track record of excellence provided by the facility´s team is evidenced by its extensive portfolio of publications in prestigious journals such as Nature, Nature Communications, Blood, and PNAS. These publications not only showcase its expertise but also underscore its commitment to advancing knowledge in proteomics and its applications in understanding disease mechanisms such as ciliopathies, cancer, neurodegenerative diseases and Inflammation.

As the demand for proteomic analysis continues to grow, the Core Facility for Medical Proteomics continues its mission to enable transformative discoveries. Through collaboration, innovation, and unwavering commitment, the dedicated team of the core facility is poised to unlock new insights into disease pathogenesis and drives advancements in the clinical application of proteomics by providing tailored workflow to its collaborators and users.