

C-Level Event „Top of Toolpoint“

Donnerstag, 17. Januar 2019 im [Zunfthaus zur Schmiden](#), Marktgasse 20, 8001 Zürich



**CV**

Das Team von Prof. Ph. Schmitt-Kopplin führt maßgeschneiderte und umfassende Metabolomics in den Bereichen Lebensmittel, Gesundheit und Geowissenschaften durch. Er verfügt über ein ausgeprägtes Profil in der analytischen Chemie mit integrierten Ansätzen, die ICR-FT-Massenspektrometrie, Separationswissenschaften, NMR-Spektroskopie mit (Bio-) Informatik kombinieren, um komplexe organische Systeme auf molekularer Ebene zu beschreiben. Ein Schwerpunkt liegt auf dem chemischen Verständnis von Mikrobiomen in Gesundheit und Umwelt und der Integration dieser Informationen in vorhandene biologische MetaOmik-Daten. Er ist Direktor der Forschungsgruppe Analytische BioGeoChemie des HelmholtzZentrums München und Mitglied der Technischen Universität München, wo er die Comprehensive Foodomics Platform des Instituts für analytische Lebensmittelchemie leitet (mit Prof. M. Rychlik).

**Abstract**

Nach einer traditionellen Definition im Bereich der menschlichen Gesundheit misst die Metabolomik die Konzentrationen der zahlreichen natürlich vorkommenden kleinen Moleküle (sogenannte Metaboliten), die als Zwischenprodukte und Endprodukte aller Stoffwechselfvorgänge produziert werden. Sie werden aus biologischen Proben und Körperflüssigkeiten wie Urin, Speichel, Blutplasma, Gewebeproben analysiert; Selbst der einfache Atemzug (Ausatmungskondensat) kann die Informationen über den Gesundheitszustand transportieren. Die Gesamtzahl der verschiedenen Metaboliten ist noch nicht bekannt. einige Schätzungen reichen von einigen zehntausend bis ungefähr einer Million, aber auch diese letzte Schätzung kann konservativ sein; Einschließlich pflanzlicher und bakterieller Metaboliten, die nicht notwendig sind, um den Organismus am Leben zu erhalten, auch Sekundärmetaboliten genannt, ist die Zahl enorm größer. Die wahrscheinliche Anzahl von Metaboliten ist auch erheblich größer als die Anzahl der entsprechenden Gene, so dass die derzeit verfügbaren Datenbanken anscheinend höchstens 5% der Gesamtzahl der vorhandenen Metaboliten umfassen. Mit unseren integrierten analytischen Ansätzen (LC-MS-, NMR- und ICR-FT / MS-Daten) annotieren wir aus Datenbanken ungefähr 10% der experimentellen Signale.

Metabolomic, denn die umfassende Untersuchung von Stoffwechselreaktionen wächst sehr schnell und integriert das Wissen von früher entwickelten Omics-Zweigen. Insbesondere ICR-FT / MS beschreibt hochkomplexe Gemische in komplexen Systemen auf der Ebene der Verteilung der Elementarzusammensetzung und wird in dieser Präsentation als dediziertes und innovatives Massenspektrometrie-Werkzeug zum Verständnis der Zusammensetzung und Prozesse auf molekularer Ebene in verschiedenen Untersuchungsgebieten dargestellt Lebensmittelchemie, Biologie, Mikrobiome zur Entdeckung neuer biologischer Wirkstoffe.