

DGPF

II TAGUNGSBERICHT

Spring-Meeting der HUPO-Proteomics Standards-Initiative



Im Hof der historischen Universität Siena: Teilnehmer des HUPO-Spring-Meetings

Mit den bioinformatischen Aspekten der Proteom-Forschung befaßt sich die HUPO-Proteomics Standards-Initiative (HUPO PSI, <http://psidev.sourceforge.net>). Sie wird von Rolf Apweiler und seinen Mitarbeitern vom European Bioinformatics Institute (EBI) in Hinxton geleitet und ist ein weltweiter Zusammenschluß interessierter Wissenschaftler.

Das zweite Treffen fand vom 17. bis zum 20. April dieses Jahres in Siena, Italien, statt und zog mehr als 80 Teilnehmer an. Unter den Anwesenden waren auch Vertreter fast aller großen Technologie-Anbieter (Software, Supplier, Großgeräte), die die Gelegenheit, firmeneigene Vorstellungen in die PSI-Konzepte einbringen zu können, nicht verpassen wollten.

Während der hervorragend organisierten Tagung wurde in drei parallelen Veranstaltungen über gemeinsame Standards für die Massenspektrometrie (mzData, mzIdent), die Untersuchungen von Protein-Protein-Interaktionen (BIND, DIP, IntAct, MINT, Hybrigenics, MIPS) sowie die Proteomics-Analysen im allgemeinen (MIAPE etc.) diskutiert. Die einzelnen Standards und Ontologien waren dabei modular aufgebaut und sollen sich zu einem Gesamtstandard fügen.

In der Diskussionsrunde „Mass Spectrometry“ (PSI:MS, organisiert von Weimin Zhu, John Garavelli und Randy Julian) lag das Hauptaugenmerk zunächst auf der Erstellung eines kontrollierten Vokabulars (CV) für den mzData-Standard. Anschließend konnte dann direkt weiter an den Strukturen des mzIdent-Formates gearbeitet werden.

Die Arbeitsgruppe „PSI Molecular Interaction Standard“ (PSI:MI, geleitet von Henning

Hermjakob) konnte ebenfalls auf solide Vorarbeiten zurückgreifen (<http://psidev.sf.net/mi/xml/doc/user> und NATURE BIOTECHNOLOGY 2004, 22, 177-183). Das erarbeitete CV und eine entsprechende Ontologie werden der Forschungsgemeinschaft ab Ende dieses Jahres zur Verfügung stehen.

In der Session „General Proteomics Standards“ (PSI:GPS, moderiert von Chris Taylor) wurde zunächst das neue Format GelML diskutiert, das zur Abbildung von Gel-basierten Experimenten verwendet werden soll. Die Abstimmung der notwendigen Ontologie war hierbei eine der Hauptaufgaben, die sich auch durch die nachfolgenden Diskussionen bezüglich MIAPE zog. Zusätzlich wurden andere komplementäre Initiativen vorgestellt, wie die Microarray Gene Expression Data Society (MGED Society siehe www.mged.org) durch Angel Pizarro oder das Proteios-Projekt (www.proteios.org) durch Per Gärdén.

Nach den vier Tagen gingen die Teilnehmer sehr zufrieden auseinander. Gerade in den Bereichen Massenspektrometrie und Protein-Protein-Interaktionen konnten entscheidende Ergebnisse erzielt werden, nicht zuletzt durch die Teilnahme von zahlreichen kommerziellen Anbietern. Einsatzfähige Versionen wie etwa von mzData stehen nun zur Verfügung oder werden wie im Falle von mzIdent in absehbarer Zeit zu einem nützlichen Werkzeug im standardisierten Datenaustausch. Detaillierte Informationen, Mailinglisten und Protokolle sind unter <http://psidev.sf.net> verfügbar.

Michael Hamacher, Christian Stephan,
Medizinisches Proteom-Center, Bochum

SUMMERSCHOOL

Proteomic Basics

Im Rahmen der BMBF-Fördermaßnahme „Neue Effiziente Verfahren für die funktionelle Proteomanalyse“ wird vom 31. Juli bis 6. August in Brixen (Südtirol/Italien) die 2. Summerschool „Proteomic Basics – from Samples to Sequence“ durchgeführt. Die Teilnehmerzahl ist auf 35 Personen begrenzt. Im Internet sind unter www.gwdg.de/forschung/veranstaltungen/workshops/proteomics2005/ alle weiteren Informationen zu finden.

WORKSHOP

Membrane Proteomics by Blue native PAGE

Informationen zum Workshop, der vom 6. bis 8. Juli in Hannover stattfindet, geben Hans-Peter Braun (braun@genetik.uni-hannover.de) und Lutz Eichacker (eichacker@lmu.de).



Termine der Deutschen Gesellschaft für Proteomforschung

29.05.-01.06.2005, Potsdam
BMBF-Statusseminar „Neue effiziente Verfahren für die funktionelle Proteomanalyse“
<http://www.proteomicsnetwork.de>

18.-20.07.2005, Martinsried
12. Arbeitstagung „Mikromethoden der Proteinchemie“
www.arbeitstagung.de

31.07.-05.08.2005, Brixen/Südtirol
BMBF/DGPF 2nd Summer School in Proteomics Basics
henning.urlaub@mpi-bpc.mpg.de
www.gwdg.de/proteomics2005

28.08.-01.09.2005, München
4. HUPO-Weltkongreß
www.hupo2005.com

28.08.-01.09.2005, München
4. HBPP-Workshop
www.hbpp.org

04.-07.09.2005, Würzburg
DGPF-Proteomics-Workshop
www.protein-ms.de