

Der Reiz des Abstrakten

Zu seinem Hobby, dem Schwimmen, kommt Jürgen Hartler momentan kaum, dabei hat er an der University of California in San Diego, wo er seine Forschungen an der Massenspektrometrie von Lipiden vertieft, das Meer quasi vor der Tür.

Werner Schandor



Jürgen Hartler forscht zwischen Graz und Kalifornien.

Bildquelle: Baustädter – TU Graz

„Bisher hatte ich noch nicht so viel Zeit für den Strand“, erzählt der Bioinformatiker, der seit Oktober 2018 ein akademisches Jahr am Department of Pharmacology an der Universität von Kalifornien verbringt. Warum Kalifornien? – „Weil die pharmakologische Fakultät an der Universität von Kalifornien San Diego in der Lipid-Forschung eine ganz große Nummer ist“, sagt Hartler. Der gebürtige Südburgenländer ist Visiting Scholar am Ed Dennis Lab, dem Entstehungsort der Lipid Maps. „Hier wurde die Kategorisierung der Lipide durchgeführt. Das Lab hat sehr gute Verbindungen zur Pharmaindustrie und Medizin, und es ist an sehr großen Studien beteiligt.“

Dieses Netzwerk ist vorteilhaft für einen Forscher wie Hartler, der zur Identifizierung der Lipide selbst schon einiges beigetragen hat. Für die Entwicklung einer computergestützten Identifizierung von Lipiden mittels Massenspektrometrie (MS) wurde der Forscher der TU Graz im Frühjahr 2019 mit dem renommierten Mattauch-Herzog-Förderpreis der Deutschen Gesellschaft für Massenspektrometrie ausgezeichnet.

100.000 MÖGLICHKEITEN

Schätzungen zufolge gibt es mehr als 100.000 verschiedene Lipidspezies, die sich grob in acht Kategorien und strukturierter in Klassen einteilen lassen. Die landläufig bekanntesten Lipide sind Fettsäuren, Fette und fette Öle, Wachse und Isoprenoide, zu denen unter anderem Steroide zählen. Manche Lipide sind membranbildend und viele Spezies haben Funktionen

in den Membranen. Lipide sind sowohl für die Medizin und Pharmazie als auch für die Ernährungswissenschaft von hohem Interesse. Die Forschung interessiert sich zum Beispiel für ihre Rolle bei Herz-Kreislauf-Erkrankungen und bei Alzheimer. Aber auch die Lebensmitteltechnik ist bei der Analyse von Speiseölen auf die Ergebnisse der Lipidforschung angewiesen.

VOM DATENRAUSCHEN ZUR VERLÄSSLICHKEIT

Dass es so viele verschiedene Lipide gibt und dass sich diese bisher der automatisierten Bestimmung weitgehend entzogen haben, hat den Forscherinstinkt von Jürgen Hartler befeuert. „Sehr viele Leute haben den Lipid-Sektor gemieden, weil die Datenanalyse sehr komplex und zeitaufwendig ist“, erzählt er. „Als ich angefangen habe, mich mit dem Thema zu beschäftigen, lief die Bestimmung der MS-Daten zu den Lipiden weitgehend noch manuell ab, weil die Analyseprogramme nicht wirklich zuverlässig waren.“

Wo bisherige Auswertungsmethoden sehr oft hauptsächlich Datenrauschen oder falsche Zuweisungen nach der Analyse im Massenspektrometer produzierten, erlaubt das von Jürgen Hartler und seinem Team an der TU Graz entwickelte Programm erstmals eine datengestützte Lipid-Bestimmung mit hoher Verlässlichkeit. Hartler nutzt dafür spezifische Lipid-Signaltreiber der Massenspektrometrie (MS¹) sowie der Tandem-Massenspektrometrie (MS/MS bzw. MS²), bei der die Proben im Spektrometer zunächst auf molekularer Ebene getrennt werden und dann Fragmente weitere Aufschlüsse über ihren Aufbau geben.

LIPID DATA ANALYZER SOFTWARE

Die von Hartlers Team entwickelte Methode der MS¹- und MS²-Datenanalyse bietet nicht nur die beste Zuverlässigkeit in der Lipid-Bestimmung, sie kann zudem auch problemlos auf weitere Lipid-Klassen erweitert werden. Die aus den Forschungen hervorgegangene Lipid-Data-Analyzer-Software LDA ist außerdem sehr praxisorientiert: Sie lässt sich ohne langwierige Anpassungen mit sehr vielen am Markt befindlichen Massenspektrometrie-Systemen koppeln. „Damit man nicht die Software jedes Mal umprogrammieren muss, haben wir einen flexiblen Ansatz gewählt“, sagt Hartler. „Und es gab die Prämisse, dass der Ansatz für die Massenspektrometriker/innen verständlich sein soll, damit diese die Auswertung von Lipid-Spektren möglichst einfach ihren Bedürfnissen anpassen können.“

Jürgen Hartler ist über Umwege zur Lipid-Bestimmung gekommen. Er hat an der TU Graz das Studium Elektrotechnik mit Schwerpunkt Biomedizinische Technik absolviert. Im Zuge seiner Dissertation am Institut für Genomik und Bioinformatik beschäftigte er sich mit der MS-Analyse von Proteinen. Seinen bisherigen Forschungen gemeinsam ist der Reiz des Abstrakten, der Jürgen Hartler fasziniert. Und wohl auch der Reiz des Komplexen, denn als nächstes Forschungsthema hat sich der Bioinformatiker die Sphingolipide ausgesucht, die in der Zellmembran etwa von Nervenzellen vorkommen. „Bei denen ist das Level der Komplexität noch einmal höher“, sagt der Forscher. Hobbys wie Schwimmen werden wohl noch länger auf ihn warten müssen. ■