

Pressemitteilung

„Proteomik wird immer präziser, digitaler und klinisch relevanter“: Kongresspräsidentin des EuPA | Proteomic Forum 2026 im Interview

Würzburg. Personalisierte Therapien, künstliche Intelligenz und die Analyse einzelner Zellen revolutionieren die biomedizinische Forschung. Eine wichtige Rolle spielen dabei auch Proteine. Sie zeigen, was in Zellen tatsächlich passiert und ermöglichen Forschenden neue Einblicke in Krankheiten, sowie in die Entwicklung neuer Diagnose- und Therapiemöglichkeiten. Im Interview spricht Kongresspräsidentin Dr. Stefanie Hauck über aktuelle Entwicklungen in der Proteomik und die Schwerpunkte des EuPA | Proteomic Forums 2026, der vom 29. November bis 3. Dezember in Würzburg stattfindet.

Das EuPA | Proteomic Forum 2026 umfasst 19 wissenschaftliche Schwerpunktthemen mit hochkarätigen internationalen Keynote-Speakern. Wo sehen Sie in diesem Jahr die zentralen Trends?

Dr. Hauck: Die besondere Stärke der EuPA 2026 liegt darin, dass sie die gesamte Bandbreite der modernen Proteomik abbildet. Dennoch lassen sich einige klare Schwerpunkte erkennen. Besonders dynamisch entwickeln sich derzeit die Bereiche Künstliche Intelligenz in der Proteomik, Computational Proteomics und Big Data, Single-Cell-Proteomics, räumlich aufgelöste Proteomik sowie Multi-Omics und Systembiologie. Diese Themen ziehen sich wie ein roter Faden durch das Programm.
Gleichzeitig sehen wir eine zunehmende Ausrichtung auf medizinische Anwendungen. Sessions zu klinischer Proteomik, Krebsproteomik, Immunoproteomik sowie zur Standardisierung von Blutproteomik zeigen, dass unsere Disziplin immer näher an die klinische Praxis heranrückt. Der übergeordnete Trend lautet: Wir messen nicht nur immer mehr Proteine, sondern wir verstehen ihre Funktion in komplexen biologischen Systemen immer besser.

Künstliche Intelligenz, computergestützte Proteomik und Big Data sind wichtige Themen des Kongresses. Wie verändern diese Technologien die Forschung?

Dr. Hauck: Die Menge an Daten, die moderne Massenspektrometrie heute erzeugt, wäre ohne fortschrittliche Algorithmen und KI kaum noch auszuwerten. Künstliche Intelligenz unterstützt Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler dabei, Muster in hochkomplexen Datensätzen zu erkennen, Biomarker zu identifizieren und biologische Prozesse schneller zu verstehen. Die Bedeutung dieser Entwicklung spiegelt sich auch in eigenen Programmschwerpunkten zu „Artificial Intelligence in Proteomics“ sowie

Diese Pressemitteilung ist zur Veröffentlichung freigegeben.
Bei Abdruck bitten wir um einen Beleg.

Kongresspräsidentin

Dr. Stefanie Hauck

Head of Core Facility Metabolomics and Proteomics (CF-MPC)

Helmholtz Zentrum München

Veranstalter

Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung e.V.

www.dgpf.org

Geschäftsstelle:

c/o Universitätsmedizin Greifswald
Abt. Funktionelle Genomforschung
Felix-Hausdorff-Str. 8
17475 Greifswald

und

European Proteomics Association

www.eupa.org

Geschäftsstelle:

c/o Universitätsmedizin Mainz
Institut für Immunologie, Gebäude 308A
Langenbeckstr. 1
55131 Mainz

Tagungsort

Congress Centrum Würzburg
Pleichertorstraße
97070 Würzburg

Kongressorganisation

Conventus Congressmanagement & Marketing GmbH
Julian Unger | Andreas Lelle
Carl-Pulfrich-Str. 1 | 07745 Jena
T +49 (0)3641 31 16-330 | -397
M proteomic-forum@conventus.de

Pressekontakt

Johanna Ratz
T: 03641 31 16-280

Kerstin Aldenhoff
T: 0172 3516916

M presse@conventus.de



„Computational Proteomics and Big Data“ wieder. Dabei ersetzt KI den Menschen nicht. Im Gegenteil: Sie erweitert unsere Möglichkeiten. Die eigentlichen wissenschaftlichen Fragen, die Interpretation der Ergebnisse und die klinische Einordnung bleiben eine menschliche Aufgabe. KI wird zunehmend zu einem leistungsfähigen Werkzeug, das Forschende unterstützt, bessere Entscheidungen auf einer deutlich breiteren Datenbasis zu treffen.

Im Zusammenhang mit Systembiologie und Multi-Omics wird häufig von „virtuellen“ Zellen gesprochen. Sind digitale Zwillinge des Menschen bald Realität?

Dr. Hauck: Digitale Zwillinge biologischer Systeme sind keine Science-Fiction mehr. Erste Modelle existieren bereits für einzelne Zellen, Gewebe oder spezifische Krankheitsprozesse. Die Kombination aus Proteomik, Genomik, Metabolomik und KI eröffnet hier völlig neue Möglichkeiten. Genau deshalb spielen Multi-Omics und Systems Biology eine wichtige Rolle im Kongressprogramm. Von einem vollständigen digitalen Zwilling eines Menschen sind wir allerdings noch weit entfernt. Dafür sind biologische Systeme zu komplex und zu dynamisch. Dennoch bewegen wir uns Schritt für Schritt in diese Richtung. Besonders bei der personalisierten Medizin könnten digitale Modelle künftig helfen, Therapien vorherzusagen und individuell zu optimieren.

Die Einzelzell-Proteomik gilt als eines der dynamischsten Forschungsfelder der Lebenswissenschaften. Wie weit sind wir vom Einsatz in der klinischen Routine entfernt?

Dr. Hauck: Die Einzelzell-Proteomik gehört zweifellos zu den spannendsten Entwicklungen der letzten Jahre und besitzt deshalb auch einen eigenen Schwerpunkt auf der EuPA 2026. Heute können wir erstmals die Proteinausstattung einzelner Zellen analysieren und damit Unterschiede sichtbar machen, die in klassischen Messungen ganzer Gewebe verborgen bleiben. Das ist insbesondere für die Krebsforschung, Immunologie und Entwicklungsbiologie von enormer Bedeutung. Derzeit ist die Einzelzell-Proteomik vor allem ein Werkzeug für die Grundlagenforschung. Sie ermöglicht völlig neue Einblicke in die Heterogenität von Zellen und Geweben und hilft uns, biologische Mechanismen zu entschlüsseln, die mit herkömmlichen Methoden verborgen bleiben. Die daraus gewonnenen Erkenntnisse werden künftig wichtige Impulse für die Präzisionsmedizin liefern.

Welche Erkrankungen könnten besonders von neuen proteombasierten Diagnoseverfahren profitieren?

Dr. Hauck: Das größte Potenzial sehen wir derzeit bei komplexen Erkrankungen, bei denen die bisherige Diagnostik an ihre Grenzen stößt. Dazu gehören insbesondere

Diese Pressemitteilung ist zur Veröffentlichung freigegeben.
Bei Abdruck bitten wir um einen Beleg.

Kongresspräsidentin

Dr. Stefanie Hauck

Head of Core Facility Metabolomics and Proteomics (CF-MPC)

Helmholtz Zentrum München

Veranstalter

Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung e.V.

www.dgpf.org

Geschäftsstelle:

c/o Universitätsmedizin Greifswald
Abt. Funktionelle Genomforschung
Felix-Hausdorff-Str. 8
17475 Greifswald

und

European Proteomics Association

www.eupa.org

Geschäftsstelle:

c/o Universitätsmedizin Mainz
Institut für Immunologie, Gebäude 308A
Langenbeckstr. 1
55131 Mainz

Tagungsort

Congress Centrum Würzburg
Pleichertorstraße
97070 Würzburg

Kongressorganisation

Conventus Congressmanagement & Marketing GmbH
Julian Unger | Andreas Lelle
Carl-Pulfrich-Str. 1 | 07745 Jena
T +49 (0)3641 31 16-330 | -397
M proteomic-forum@conventus.de

Pressekontakt

Johanna Ratz
T: 03641 31 16-280

Kerstin Aldenhoff
T: 0172 3516916

M presse@conventus.de



Krebs, neurodegenerative Erkrankungen wie Alzheimer oder Parkinson, Herz-Kreislauf-Erkrankungen, entzündliche Erkrankungen sowie Infektionskrankheiten. Die entsprechenden Schwerpunkte im Kongressprogramm reichen von Cancer Proteomics und Clinical Proteomics über Human Health Insights bis hin zu Host-Pathogen Interactions und Virologie. Proteine spiegeln den aktuellen biologischen Zustand eines Organismus wider. Deshalb können proteombasierte Tests häufig Informationen liefern, die über genetische Analysen allein hinausgehen. Langfristig erwarten wir sensitivere Frühdiagnosen, präzisere Patientenselektion für Therapien und eine bessere Überwachung von Krankheitsverläufen.

Worauf freuen Sie sich persönlich am meisten bei dem EuPA | Proteomic Forum 2026?

Dr. Hauck: Die wissenschaftlichen Vorträge sind natürlich ein Highlight, insbesondere die internationalen Keynotes aus Bereichen wie KI, Einzelzellanalysen, klinischer Proteomik und Systembiologie. Am meisten freue ich mich jedoch auf den persönlichen Austausch. Die EuPA bringt Forschende aus ganz Europa und weit darüber hinaus zusammen. Oft entstehen die entscheidenden Ideen nicht nur während der Vorträge, sondern in Diskussionen zwischen unterschiedlichen Disziplinen. Gerade die Verbindung von Technologieentwicklern, Datenwissenschaftlern, klinischen Forschenden und Grundlagenwissenschaftlern macht die besondere Stärke unserer Community aus. Wenn die Teilnehmerinnen und Teilnehmer mit neuen Kooperationen, neuen Ideen und neuer Begeisterung nach Hause fahren, dann ist das für mich der größte Erfolg der Tagung.

Vielen Dank für das Interview!

Hintergrund: Die EuPA und das Proteomic Forum gehören zu den wichtigsten europäischen Tagungen für Proteomik. Sie bringen Wissenschaft, Klinik und Industrie zusammen. Jährlich werden so aktuelle Forschungsergebnisse und technologische Innovationen der Proteomik diskutiert.

Alle Informationen sowie das Tagungsprogramm unter: https://proteomic-forum.com/

Medienvertreter sind herzlich eingeladen zum Kongress! Wir freuen uns über Ihre Berichterstattung. Gern vermitteln wir Ihnen Ansprechpartner für Interviews. Akkreditierungen sind über die Kongress-Homepage möglich sowie direkt über den Pressekontakt.

Diese Pressemitteilung ist zur Veröffentlichung freigegeben.
Bei Abdruck bitten wir um einen Beleg.

Kongresspräsidentin

Dr. Stefanie Hauck

Head of Core Facility Metabolomics and Proteomics (CF-MPC)

Helmholtz Zentrum München

Veranstalter

Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung e.V.

www.dgpf.org

Geschäftsstelle:

c/o Universitätsmedizin Greifswald
Abt. Funktionelle Genomforschung
Felix-Hausdorff-Str. 8
17475 Greifswald

und

European Proteomics Association

www.eupa.org

Geschäftsstelle:

c/o Universitätsmedizin Mainz
Institut für Immunologie, Gebäude 308A
Langenbeckstr. 1
55131 Mainz

Tagungsort

Congress Centrum Würzburg
Pleichertorstraße
97070 Würzburg

Kongressorganisation

Conventus Congressmanagement & Marketing GmbH
Julian Unger | Andreas Lelle
Carl-Pulfrich-Str. 1 | 07745 Jena
T +49 (0)3641 31 16-330 | -397
M proteomic-forum@conventus.de

Pressekontakt

Johanna Ratz
T: 03641 31 16-280

Kerstin Aldenhoff
T: 0172 3516916

M presse@conventus.de