



Curriculum Vitae Prof. Dr. Matthias Mann



Name: Matthias Mann
Geboren: 10. Oktober 1959

Forschungsschwerpunkte: Proteomics, Entstehung von Krebszellen, massenspektrometrische Methoden, Elektrospray-Ionisation, Entwicklung von Software für Analysen

Matthias Mann ist Physiker und Biochemiker. Er erforscht Proteine und entwickelt dafür Analysemethoden. Er ist Mitbegründer des Fachgebiets Proteomics, das alle Eiweißstoffe (Proteine) in verschiedenen Zellzuständen analysiert. Zu Beginn seiner Karriere war er an der Entwicklung der Elektrospray-Ionisation beteiligt, die die massenspektrometrische Analyse von Proteinen erst ermöglichte. Durch die von ihm entwickelten Methoden können Signalübermittlungen in der Zelle schneller und genauer erfasst und quantifiziert werden.

Akademischer und beruflicher Werdegang

- seit 2009 Direktor der Proteomics-Abteilung, Zentrum für Proteinforschung der Novo-Nordisk-Foundation an der Universität Kopenhagen, Dänemark
- seit 2005 Direktor am Max-Planck Institut für Biochemie, Leiter der Abteilung „Proteomics und Signaltransduktion“, Martinsried, und Honorarprofessor an der Fakultät für Chemie und Pharmazie der Ludwig-Maximilians-Universität München
- 1998 - 2007 Professor für Bioinformatik, Institut für Biochemie und Molekularbiologie, Süddänische Universität (SDU), und Direktor des Zentrums für Experimentelle Bioinformatik (CEBI), Dänemark
- 1992 - 1998 Abteilungsleiter der Protein- und Peptidgruppe, European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Heidelberg
- 1989 - 1992 Postdoc und später Senior Scientist am Institut für Molekularbiologie, Süddänische Universität (SDU), Dänemark
- 1988 Promotion in Chemical Engineering, Yale University, USA

1984 Diplom in Physik, Georg August-Universität Göttingen

Studium der Physik und Mathematik an der Georg August-Universität Göttingen und an der Yale University, USA

Funktionen in wissenschaftlichen Gesellschaften und Gremien

Mitglied in den Editorial Boards von Journal of Proteome Research, Molecular and Cellular, Proteomics, Cell, Carcinogenesis

Projektkoordination, Mitgliedschaft in Verbundprojekten

2009 - 2013 Beteiligt am Internationalen Graduiertenkolleg GRK 1563 „Regulation und Evolution zellulärer Systeme“

seit 2006 Beteiligt am DFG-Exzellenzcluster EXC 114 „Zentrum für Integrierte Proteinforschung (CIPSM)“

Auszeichnungen und verliehene Mitgliedschaften

2015 The Order of Dannebrog Knights Cross

2015 Barry L. Karger-Medaille in Bioanalytischer Chemie

2015 Theodor Bücher Lecture und Medaille

seit 2013 Mitglied der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina

2012 Gottfried Wilhelm Leibniz-Preis der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG)

2012 Ernst Schering-Preis

2012 Louis Jeantet-Preis für Medizin

2012 Körber European Science Award

2011 Feodor Lynen Lecture Medal

2010 Friedrich Wilhelm Joseph von Schelling-Preis der Bayerischen Akademie der Wissenschaften

2009 Ehrendoktorwürde der University of Dundee, Schottland, UK

2008 HUPO Distinguished Achievement Award in Proteomic Sciences (gemeinsam mit Denis Hochstrasser)

2006 Biochemische Analytik-Preis, Deutsche vereinte Gesellschaft für Klinische Chemie und Laboratoriumsmedizin

2005 Anfinsen-Preis der amerikanischen Protein-Gesellschaft

2004	Ehrendoktorwürde der Universität Utrecht, Niederlande
2004	Lundbeck-Preis
2004	Novo-Nordisk-Preis (gemeinsam mit Peter Roepstorff)
2001	Bernhard und Martha Rasmussen's Memorial Prize für Krebsforschung
2001	Meyenburg-Krebsforschungspreis
2001	Fresenius-Preis und Medaille für Analytische Chemie der Gesellschaft deutscher Chemiker
1999	Gastprofessor an der Harvard Medical School
seit 1999	Mitglied der European Molecular Biology Organization (EMBO)
1999	Bieman-Medaille für "Outstanding Achievement in Mass Spectrometry", American Society for Mass Spectrometry
1998	Edman-Preis der Methods in Protein Structure Analysis-Gesellschaft
1997	Hewlett-Packard-Preis
1996	Mattauch-Herzog-Preis in Massenspektrometrie
1991	Malcom Award, Journal Organic Mass Spectrometry

Forschungsschwerpunkte

Matthias Mann ist Physiker und Biochemiker. Er erforscht Proteine und entwickelt dafür Analysemethoden. Er ist Mitbegründer des Fachgebiets Proteomics, das alle Eiweißstoffe (Proteine) in verschiedenen Zellzuständen analysiert. Zu Beginn seiner Karriere war er an der Entwicklung der Elektrospray-Ionisation beteiligt, die die massenspektrometrische Analyse von Proteinen erst ermöglichte. Durch die von ihm entwickelten Methoden können Signalübermittlungen in der Zelle schneller und genauer erfasst und quantifiziert werden. Seine Forschung trägt dazu bei, Krankheitsmechanismen aufzuklären.

Proteine sind an fast allen Lebensprozessen beteiligt. Sie sind die eigentlichen Funktionsträger der Zelle. Jede Sekunde werden Proteine gebildet, verändert, entsorgt. Matthias Mann untersucht die Struktur und Funktion von Proteinen und ihr Wechselspiel in den Zellen. Er will wissen, welche Proteine zu einem bestimmten Zeitpunkt in der Zelle sind, mit wem sie reagieren und wie sich Zellstrukturen in Krankheitszuständen verändern. Mann hat mit seinem Team eine Methode entwickelt, mit der im großen Stil die Identität von Proteinen bestimmt werden kann. Erst dadurch entstand das Fachgebiet Proteomics.

Mit der SILAC-Methode (Stable Isotope Labeling by Amino Acid in Cell Culture) können verschiedene Zellstadien verglichen werden. So können Veränderungen und das Wechselspiel von Proteinen analysiert werden. Dafür werden Zellen markierte Aminosäuren zugeführt. Die Zellen

bauen diese in ihre Proteine ein. Über den Vergleich mit „unmarkierten“ Zellen werden Veränderungen sichtbar. Etliche Erkrankungen entstehen, wenn zu viele oder zu wenig Proteine vorhanden sind oder ihre Veränderung fehlerhaft verläuft. Matthias Mann nutzt die Methode, um die Entstehung von Krebszellen zu erforschen. Er konnte über 10.000 Krebszellen identifizieren und ihre Veränderung aufzeigen.

Zu Beginn seiner Laufbahn war Matthias Mann an der Entwicklung der Elektrospray-Ionisation beteiligt. Seitdem entwickelt er Untersuchungsmethoden wie die Massenspektrometrie ständig weiter. In seiner Abteilung wurde die Software „MaxQuant“ entwickelt. Mit ihr können Proteinbestandteile noch schneller und genauer ausgewertet werden. So konnte Matthias Mann auch Mechanismen der Erbgutreparatur entschlüsseln. Und in einem internationalen Forscherteam entdeckte er ein Protein (LRRK2-Kinase), das für neue Therapieansätze bei Parkinson eine Rolle spielen könnte. Er möchte mit seiner Forschung Mechanismen der Krankheitsentstehung aufklären und neue Ansätze für Therapien aufzeigen.