Leopoldina
Nationale Akademie
der Wissenschaften

Curriculum Vitae Prof. Dr. Franz-Xaver Schmid

Name: **Franz-Xaver Schmid**
Geboren: **1950**

Forschungsschwerpunkte: Proteinfaltung, Katalyse durch Prolylisomerasen, extrem schnelle Faltungsreaktionen, Proteinstabilität, molekulare Schalter

Franz-Xaver Schmid ist Biochemiker. Er erforscht Proteine sowie die Proteinfaltung und die Proteinstabilität. Er hat Faktoren der korrekten Proteinfaltung aufgeklärt und gemeinsam mit anderen Forschenden eine Methode zur Stabilisierung von Proteinen entwickelt, die in der Proteinforschung und Biotechnologie eingesetzt wird.

Akademischer und beruflicher Werdegang

1988 - 2016	Professor für Biochemie, Universität Bayreuth
1988	Habilitation, Universität Regensburg
	Postdoc, Stanford University, Stanford, USA
1977	Promotion, Universität Regensburg

Projektkoordination, Mitgliedschaft in Verbundprojekten

2010 - 2015	Antragsteller, Projekt „Mechanismus der Thioloxidase Mia40“, Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)
2008 - 2012	Antragsteller, Projekt „The mechanism of the prolyl isomerase SlyD“, DFG
2004 - 2015	Antragsteller, Projekt „How phage fd uses prolyl isomerization and partial unfolding to activate its gene-3-protein for infection“, DFG
2004 - 2010	Antragsteller, Teilprojekt „Stabilization of enzymes by Proside“, Schwerpunktprogramme (SPP) 1170, DFG

2000 - 2008 Antragsteller, Projekt „Ein allgemeines Selektionssystem zur Stabilisierung von Proteinen“, DFG

1999 - 2010 Beteiligter Wissenschaftler, Projekt „Molekulare Grundlagen der Thermostabilität von Proteinen“, DFG

Auszeichnungen und verliehene Mitgliedschaften

seit 2000 Mitglied, Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina

Forschungsschwerpunkte

Franz-Xaver Schmid ist Biochemiker. Er erforscht Proteine sowie die Proteinfaltung und die Proteinstabilität. Er hat Faktoren der korrekten Proteinfaltung aufgeklärt und gemeinsam mit anderen Forschenden eine Methode zur Stabilisierung von Proteinen entwickelt, die in der Proteinforschung und Biotechnologie eingesetzt wird.

Proteine sind an vielen lebenswichtigen Prozessen in der Zelle beteiligt. Sie können ihre Aufgaben jedoch nur erfüllen, wenn sie sich zu einer komplexen dreidimensionalen Struktur gefaltet haben. Passieren bei der Faltung Fehler, kann dies zu Störungen und Krankheiten führen. Franz-Xaver Schmid hat Prozesse und Faktoren aufgeklärt, die eine korrekte Faltung unterstützen. Dabei wirken bestimmte „Helfermoleküle“ (Chaperone) und spezielle Enzyme, wie die Prolylisomerasen, zusammen und führen zu hocheffizienten Faltungshelfern. Die Prolylisomerisierung bestimmt auch die Geschwindigkeit bei Proteinfaltungsprozessen.

Die meisten Proteine bestehen aus mehreren Baueinheiten (Domänen). Franz-Xaver Schmid hat auch die Faltung von Proteinen mit mehreren Domänen auf molekularer Ebene untersucht. Dabei hat er erforscht, wie Stabilität und Faltung der Einzeldomänen mit der weiteren Faltung mechanistisch verknüpft sind. Darauf aufbauend hat er mit anderen Forschenden eine Methode zur Stabilisierung von Proteinen entwickelt. Die Stabilisierung von Proteinen ist für die grundlagen- und anwendungsorientierte Forschung wichtig.

Außerdem analysiert er Proteine mithilfe der „gerichteten Evolution“. Diese imitiert die natürliche Evolution von Millionen von Jahren auf der Zeitskala von Laborexperimenten und untersucht Ansatzpunkte, um Enzyme zu optimieren. Damit lassen sich auch Biokatalysatoren mit maßgeschneiderten Eigenschaften herstellen, die in industriellen Synthesen eingesetzt werden.