



---

## Curriculum Vitae Prof. Dr. Ruedi Aebersold



**Name:** Ruedi Aebersold  
**Geboren:** 12. September 1954

**Forschungsschwerpunkte: Systembiologie, Proteine, Proteomik, Proteinnetzwerke, Massenspektrometrie, Technologieentwicklung**

Ruedi Aebersold ist ein Schweizer Zellbiologe. Er widmet sich der Erforschung von Proteinen und gilt als Pionier der Proteomik, die die Gesamtheit aller Proteine eines Lebewesens analysiert. Aebersold entwickelte eine Reihe von Analyse-Methoden und Computermodellen, mit deren Hilfe Proteine identifiziert, quantitativ gemessen und strukturell analysiert werden können.

### Akademischer und beruflicher Werdegang

- seit 2020 Professor emeritus am Institut für Molekulare Systembiologie, ETH Zürich und Wissenschaftler am Tumor-Profilierung-Projekt der ETH Zürich, Schweiz
- 2004 - 2020 Professor für Systembiologie am Biologiedepartement, Institut für Molekulare Systembiologie, ETH Zürich, und an der Naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Zürich, Schweiz
- 2000 - 2009 Professor, Institute for Systems Biology, Seattle, USA
- 2000 Mitbegründer des Institute for Systems Biology, Seattle, USA
- 1998 - 2000 Professor, Department of Molecular Biotechnology, University of Washington, Seattle, USA
- 1993 - 1998 Außerordentlicher Professor, Department of Molecular Biotechnology, University of Washington, Seattle, USA
- 1989 - 1993 Assistenz-Professor, Department of Biochemistry, University of British Columbia, Vancouver, B.C., Kanada

- 1987 - 1988 Senior Research Fellow, Division of Biology, California Institute of Technology, Pasadena, USA
- 1984 - 1986 Postdoc, Division of Biology, California Institute of Technology, Pasadena, USA
- 1983 Promotion in Zellbiologie, Biocenter, Universität Basel, Schweiz

### **Funktionen in wissenschaftlichen Gesellschaften und Gremien**

- seit 2007 Mitglied der National Science and Technology Development Agency (NSTDA), Bangkok, Thailand
- seit 2005 Mitglied im Editorial Advisory Board, Current Analytical Chemistry
- 2004 - 2019 Mitglied im Editorial Board, The Protein Journal
- seit 2004 Senior Editor, Molecular Systems Biologie
- 2003 - 2007 Co-Vorsitzender der Human Proteome Organization (HUPO) Proteomics Standards Initiative (PSI)
- seit 2001 Associate Editor, Molecular Cellular Proteomics
- seit 2001 Mitglied im Beirat des Functional Genomics Center, Universität Zürich, Schweiz
- 2000 - 2006 Mitglied im Beratungsausschuss des Pacific Northwest National Laboratory
- 2010 -2014 Vorsitz, SAB Biozentrum, Universität Basel, Schweiz
- 2011 - 2013 Mitglied, SAB MPI for Biochemistry, Martinsried
- 2010 - 2012 Mitglied, SAB Max Delbrueck Center, Berlin
- 2009 - 2014 Vorsitz, HUPO Human Proteome Project, Biologischer Teil
- 2006 - 2014 Vorsitz, SystemsX.ch, die schweizerische Initiative für Systembiologie
- 2000 - 2003 Mitglied im wissenschaftlichen Beirat von Genome Canada (SIAC)
- 1999 - 2005 Mitglied im Exekutivkomitee des Pacific Rim Conference on Functional Genomics
- seit 1999 Mitglied im Editorial Board Proteomics
- seit 1991 Mitglied im Beratungsausschuss des NIH Mass Spectrometry Resource Center at Rockefeller University, New York, USA

### **Auszeichnungen und verliehene Mitgliedschaften**

- 2020 Swiss Science Prize Marcel Benoist
- 2018 Bijvoet-Medaille des Bijvoet Center for Biomolecular Research der Universität Utrecht, Niederlande

2018	Paracelsus-Preis der Schweizerischen Chemischen Gesellschaft
seit 2014	Mitglied der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina
2013	The Analytical Scientist: Voted second most influential analytical scientist by peer group
2012	International Mass Spectrometry Society Thompson Medal
2012	EuPA Pioneer Award
2011	Calbiochem Lecture Series, UCSD
2010	Otto Naegeli Preis
2010	ASBMB Herbert A. Sober Lectureship
2009	ISI Highly Cited Research
2009	Pierce Affinity Award
2008	ABRF Award
seit 2006	Mitglied der European Molecular Biology Organization (EMBO)
2006	FEBS Büchner Medal
2005	HUPO Award for Achievement in Proteomics
2003	Genome Technology All-Star: First place, Proteomics
2002	Genome Technology All-Stars: First place, Proteomics
2002	World Technology Network Award in Biotechnology
2002	Michael Widmer Award
2002	Biemann Medal der American Society of Mass Spectrometry
1994	Pehr Edman Award
1993	Killam Research Preis

### **Forschungsschwerpunkte**

Ruedi Aebersold ist ein Schweizer Zellbiologe. Er widmet sich der Erforschung von Proteinen und gilt als Pionier der Proteomik, die die Gesamtheit aller Proteine eines Lebewesens analysiert. Aebersold entwickelte eine Reihe von Analyse-Methoden und Computermodellen, mit deren Hilfe Proteine identifiziert, quantitativ gemessen und strukturell analysiert werden können.

Proteine werden auch Bausteine des Lebens genannt, sie sind praktisch an allen chemischen Reaktionen des Organismus beteiligt. Die Proteinzusammensetzung einer Zelle, auch Proteom genannt, ist dynamisch und ändert sich ständig. Aebersold hat erforscht, zu welchem

Zeitpunkt welche Proteine benötigt werden und welche Funktionen sie ausführen.

Er hat mit seinem Team die Expression von Proteinen in verschiedenen Phasen der Entwicklung oder unter verschiedenen Lebensbedingungen analysiert und dafür Taupflanzen, Hefen oder Säugetierzellen genutzt. Für seine Forschungen hat Aebersold spezielle Messverfahren entwickelt, besonders bekannt wurde die Analyse-Methode ICAT (Isotope Coded Affinity Tag / Isotopen-codierte Affinitätsmarkierung), und eine Reihe von Computerprogrammen für die Analyse der Proteomedaten.

Mit diesen Methoden kann zum Beispiel die Proteinzusammensetzung von Krebszellen und von Nichtkrebszellen unterschieden werden. Dies führt zu besserem Verständnis der biochemischen Prozesse und kann dazu beitragen, dass Krankheiten schneller erkannt werden.

Das Team um Ruedi Aebersold konnte mit verschiedenen Methoden fast das gesamte Proteom (alle Proteine unter bestimmten Bedingungen) der Hefe *Saccharomyces cerevisiae*, des Tuberkulose-Erregers *Mycobacterium tuberculosis* und des Menschen kartieren. Hierbei entdeckten die Forscher sogar bisher unbekannte Proteine. Generell ist die Forschung darauf ausgerichtet, den Zusammenhang zwischen Genotyp und Phänotyp aufgrund der Proteomvermessung der Zelle zu erhellen.