

# Prof. Dr. rer. medic. Martin Eisenacher, 12.5.1973

Medizinische Bioinformatik am Medizinischen Proteom-Center  
Medizinische Fakultät  
&  
Medizinische Proteom-Analyse  
Zentrum für Proteindiagnostik (PRODI)

Ruhr-Universität Bochum  
Gebäude ProDi, Raum E2.269, Gesundheitscampus 4  
Telefon: +49 / 234 / 32 - 18104  
E-mail: [martin.eisenacher@rub.de](mailto:martin.eisenacher@rub.de)  
<http://www.ruhr-uni-bochum.de/mpc/>

## WISSENSCHAFTLICHER WERDEGANG

---

- 07/2022 Verleihung der Bezeichnung „außerplanmäßiger Professor“ auf Vorschlag der Medizinischen Fakultät durch die Ruhr-Universität Bochum (RUB)
- seit 01/2021 Stellvertretung der Institutsleitung des Medizinischen Proteom-Centers, RUB
- seit 01/2015 Leiter des Forschungsbereichs „Medizinische Bioinformatik“ am Medizinischen Proteom-Center, RUB  
Personalverantwortung für PostDocs, Doktoranden, Master- / Bachelor-Studenten, technisches Personal
- seit 05/2014 Konsortium-Sprecher des Service-Centers „Bioinformatik der Proteomik – BioInfra.Prot“ im BMBF-geförderten „Deutschen Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur – de.NBI“ (bis 12/2021)  
Konsortium-Sprecher des Verbundprojekts „Integrative Datensemantik – Electronic Patient Path (EPP) – Ein Systemmedizin-basiertes Entscheidungsunterstützungssystem für die Therapie-Lenkung von kolorektalem Krebs“ (bis 2/2021)  
Projektleiter von und *principal investigator* (PI) in Drittmittelprojekten, gefördert von BMBF, Forschungsministerium NRW, Deutsche Gesetzliche Unfallversicherung (DGUV)
- 06/2014 Habilitation, Medizinische Fakultät, RUB  
Kumulative Habilitationsschrift: „Standard-Datenformate, Algorithmen und Auswertestrategien für die Bioinformatik der Proteomik“  
Habitationskolloquium vor dem Fakultätsrat: „Big data – Chancen und Risiken für die personalisierte Medizin“
- seit 05/2006 Projektleitung und Koordination mehrerer abgeschlossener Drittmittelprojekte, gefördert von EU, BMBF, Forschungsministerium NRW, Deutsche Gesetzliche Unfallversicherung (DGUV), Cluster Industrielle Biotechnologie (CLIB), Medizinische Fakultät RUB (FoRUM)
- 03/2012 – 12/2014 Gruppenleiter der Arbeitsgruppe „Bioinformatik / Biostatistik“ am Medizinischen Proteom-Center, RUB  
Personalverantwortung für PostDocs, Doktoranden, Master- / Bachelor-Studenten, technisches Personal
- 02/2012 PostDoc am Medizinischen Proteom-Center, RUB
- 10/2000 – 05/2005 Promotionsstudium an der Medizinischen Fakultät, Westfälische Wilhelms-Universität Münster  
Dissertation: „Intensitätsbasierte Qualitätskontrolle und Skalierung von Genexpressionsdaten“
- 10/1992 – 09/1998 Studium der Informatik, Universität Dortmund  
Abschluss: Diplom in Informatik (mit Auszeichnung)

## BERUFLICHE FUNKTIONEN – WISSENSCHAFTLICHE AKTIVITÄTEN

---

- 03/2018 – Mitglied der Ethikkommission der Medizinischen Fakultät der RUB  
04/2019
- 06/2017 – Dezentraler Koordinator für IT-Sicherheit und Datenschutz der Medizinischen Fakultät,  
01/2020 RUB
- 09/2016 Ausrichtung, Organisation und Dozent der de.NBI Summer School „From Big Data to Big Insights - Computational Methods for the analysis and interpretation of mass-spectrometric high-throughput data“, Leibniz-Zentrum für Informatik, Castle Dagstuhl, Germany
- seit 05/2016 Mitglied der IT.Services-Nutzervertretung für die Medizinische Fakultät, RUB
- seit 2015 Gutachter für Konferenzen und Förderinstitutionen, z.B. Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG), German Conference for Bioinformatics (GCB), French Institute of Bioinformatics (IFB)
- seit 12/2014 Editor der *Proteomics Standards Initiative (PSI)* der *Human Proteome Organization (HUPO)*: Durchführung des Review-Prozesses (*PSI document process*) für vorgeschlagene Standardisierungsdokumente
- seit 2012 Mitglied des Editorial Board der Fachzeitschrift *BBA – Proteins and Proteomics*
- seit 2006 Gutachter für Fachzeitschriften, z.B. *Bioinformatics*, *BMC Bioinformatics*, *Molecular and Cellular Proteomics*, *Proteomics*, *J Proteome Research*, *J Proteomics*, *BBA Proteins and Proteomics*

## MITGLIEDSCHAFTEN

---

DGPF (Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung)

GI (Gesellschaft für Informatik)

Gemeinsame Fachgruppe “Bioinformatik” (FaBi, [www.bioinformatik.de](http://www.bioinformatik.de)) mehrerer Fachgesellschaften  
Research Department Protein (RUB)

## WICHTIGE PUBLIKATIONEN

---

1. Unterberg M, Rahmel T, Rump K, Wolf A, Haberl H, von Busch A, Bergmann L, Bracht T, Zarbock A, Ehrentraut SF, Putensen C, Wappler F, Köhler T, Ellger B, Babel N, Frey U, **Eisenacher M**, Kleefisch D, Marcus K, Sitek B, Adamzik M, Koos B, Nowak H; SepsisDataNet.NRW research group (2022) The impact of the COVID-19 pandemic on non-COVID induced sepsis survival. **BMC Anesthesiol** 2022 Jan 5;22(1):12. doi: 10.1186/s12871-021-01547-8 [IF 2021: 2.4]
2. Mayer G, Müller W, Schork K, Uszkoreit J, Weidemann A, Wittig U, Rey M, Quast C, Felden J, Glöckner FO, Lange M, Arend D, Beier S, Junker A, Scholz U, Schüler D, Kestler HA, Wibberg D, Pühler A, Twardziok S, Eils J, Eils R, Hoffmann S, **Eisenacher M**, Turewicz M (2021) Implementing FAIR data management within the German Network for Bioinformatics Infrastructure (de.NBI) exemplified by selected use cases. **Brief Bioinform** 2021 Sep 2;22(5):bbab010. doi: 10.1093/bib/bbab010 [IF 14.0]
3. Dai C, Füllgrabe A, Pfeuffer J, Solovyeva EM, Deng J, Moreno P, Kamatchinathan S, Kundu DJ, George N, Fexova S, Grüning B, Föll MC, Griss J, Vaudel M, Audain E, Locard-Paulet M, Turewicz M, **Eisenacher M**, Uszkoreit J, Van Den Bossche T, Schwämmle V, Webel H, Schulze S, Bouyssié D, Jayaram S, Duggineni VK, Samaras P, Wilhelm M, Choi M, Wang M, Kohlbacher O, Brazma A, Papatheodorou I, Bandeira N, Deutsch EW, Vizcaíno JA, Bai M, Sachsenberg T, Levitsky LI, Perez-Riverol Y (2021) A proteomics sample metadata representation for multiomics integration and big data analysis. **Nat Commun** 2021 Oct 6;12(1):5854. doi: 10.1038/s41467-021-26111-3 [IF 17.7]
4. Schork K, Podwojski K, Turewicz M, Stephan C, **Eisenacher M** (2021) Important Issues in Planning a Proteomics Experiment: Statistical Considerations of Quantitative Proteomic Data. **Methods Mol Biol** 2021;2228:1-20. doi: 10.1007/978-1-0716-1024-4\_1
5. Uszkoreit J, Winkelhardt D, Barkovits K, Wulf M, Roocke S, Marcus K, **Eisenacher M** (2021) MaCPepDB: A Database to Quickly Access All Tryptic Peptides of the UniProtKB. **J Proteome Res** 2021 Apr 2;20(4):2145-2150. doi: 10.1021/acs.jproteome.0c00967 [IF 5.4]

6. Kohl M, Stepath M, Bracht T, Megger DA, Sitek B, Marcus K, **Eisenacher M** (2020) CalibraCurve: A Tool for Calibration of Targeted MS-Based Measurements. **Proteomics** 2020 Jun;20(11):e1900143. doi: 10.1002/pmic.201900143 [IF 4.0]
7. Barkovits K, Pacharra S, Pfeiffer K, Steinbach S, **Eisenacher M**, Marcus K, Uszkoreit J (2020) Reproducibility, Specificity and Accuracy of Relative Quantification Using Spectral Library-based Data-independent Acquisition. **Mol Cell Proteomics** 2020 Jan;19(1):181-197. doi: 10.1074/mcp.RA119.001714 [IF 5.9]
8. Mayer G, Quast C, Felden J, Lange M, Prinz M, Pühler A, Lawerenz C, Scholz U, Glöckner FO, Müller W, Marcus K, **Eisenacher M** (2019) A generally applicable lightweight method for calculating a value structure for tools and services in bioinformatics infrastructure projects. **Brief Bioinform** 2019 Jul 19;20(4):1215-1221. doi:10.1093/bib/bbx140. [IF 9.0]
9. Uszkoreit J, Perez-Riverol Y, Eggers B, Marcus K, **Eisenacher M** (2019) Protein Inference Using PIA Workflows and PSI Standard File Formats. **J Proteome Res** 2019 Feb 1;18(2):741-747. doi: 10.1021/acs.jproteome.8b00723 [IF 4.1]
10. Vizcaíno JA, Deutsch EW, Wang R, Csordas A, Reisinger F, Ríos D, Dianes JA, Sun Z, Farrah T, Bandeira N, Binz PA, Xenarios I, **Eisenacher M**, Mayer G, Gatto L, Campos A, Chalkley RJ, Kraus HJ, Albar JP, Martinez-Bartolomé S, Apweiler R, Omenn GS, Martens L, Jones AR, Hermjakob H (2014) ProteomeXchange provides globally coordinated proteomics data submission and dissemination. **Nat Biotechnol** 2014 Mar 10;32(3):223-6 [IF 41.5]