Prof. Dr. Julio Saez-Rodriguez

Head of Research group and Director of Institute for Computational Biomedicine – Bioquant, Heidelberg University – Faculty of Medicine, Heidelberg University Hospital, Heidelberg

Rolle in LiSyM-Krebs

- Projektleiter in C-TIP-HCC
- Methoden zur Erstellung dynamischer Modelle aus umfangreichen funktionellen Daten, insbesondere logikbasierte Modelle, funktionelle Analyse von Genomdaten in Pfad- und netzwerkbasierten Modellen
- Mechanistische Modelle zur Integration von phospho-proteomischen, transkriptomischen und metabolomischen Daten mit Netzwerken

Fachkenntnisse

- funktionelle Analyse von Transkriptomdaten: Einzelzell- und räumliche Daten, Integration von Multi-Omics und Verständnis der multizellulären Kommunikation
- Schwerpunkt auf Krebs, Autoimmunerkrankungen und Erkrankungen von Niere und Herz
- Abfrage großer biologischer Datensätze mit mathematischen Modellen, um die molekularen Grundlagen von Krankheiten aufzudecken und so neue Therapien zu entwickeln
- Nutzung des vorhandenen Wissens über biologische Prozesse zur Unterstützung der rechnerischen Analyse
- Entwicklung von Open-Source-Rechenwerkzeugen und Mitorganisation der DREAM-Herausforderungen

Abschlüsse

- 2002-2007, Promotion summa cum laude in Verfahrenstechnik; Max-Planck-Institut für Dynamik komplexer technischer Systeme und Universität Magdeburg, Deutschland (Betreuer: E. D. Gilles)
- 2000-2001, Erasmus-Austauschstudent an der Universität Stuttgart, Deutschland
- 1996-2001, "Licenciatura" (MS) in Chemieingenieurwesen an der Universität von Oviedo, Spanien, Abschluss mit der besten akademischen Note des Jahres

Berufserfahrung

- Seit 2018, Gruppenleiter am EMBL - Universitätsklinikum Heidelberg Molecular Medicine Partnership Unit (MMPU)
- Seit 2018, Ordentlicher (W3) Professor für Medizinische Bioinformatik und Datenanalyse & Direktorin des Instituts für Computational Biomedicine Universität Heidelberg, Medizinische Fakultät, Deutschland
- 2015-2018, Ordentlicher (W3) Professor für Computational Biomedicine & Direktorin des Instituts für Computational Biomedicine I, RWTH-Aachen, Medizinische Fakultät, Deutschland
- 2015-2018, Gastgruppenleiter am Europäischen Bioinformatik-Institut, Europäisches Molekularbiologisches Laboratorium (EMBL-EBI)
- 2010-2015, Gruppenleiter am Europäischen Bioinformatik-Institut, Europäisches Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL-EBI), mit einer gemeinsamen Anstellung in der EMBL Genome Biology Unit in Heidelberg
- 2010-2015, Senior Fellow am Wolfson College (Cambridge, UK)
- 2008-2010, Wissenschaftlicher Koordinator des NIH-NIGMS Cell Decision Process Center, Cambridge, MA, USA
- 2007-2010, Postdoktorand an der Harvard Medical School und am MIT, Boston, USA
- 2002-2007, Wissenschaftlicher Mitarbeiter, Max-Planck-Institut, Magdeburg, Deutschland
- 2001-2002, Wissenschaftlicher Mitarbeiter, Universität Stuttgart, Institut für Bioverfahrenstechnik, Deutschland, und Insilico Biotechnologie, Deutschland

Publikationen

2025-11-18	OmniPath: integrated knowledgebase for multi-omics analysis *Nucleic Acids Research*
2025-09-01	From cirrhosis to cancer: α-SMA+ CAF and CD68+ macrophage rewiring in the cirrhosis–HCC transition *79. Jahrestagung der DGVS mit Sektion Endoskopie Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Allgemein- und Viszeralchirurgie mit den Arbeitsgemeinschaften der DGAV und Jahrestagung der CACP*
2025-05-22	Comprehensive evaluation of phosphoproteomic-based kinase activity inference *Nature Communications*
2025-02-01	NetworkCommons: bridging data, knowledge, and methods to build and evaluate context-specific biological networks *Bioinformatics*
2025-01-01	TGF-β critically determines the activation state of both, the macrophage subpopulation that is particularly recruited in the context of MASH progression, as well as of TAMs *41. Jahrestagung der Deutschen Arbeitsgemeinschaft zum Studium der Leber*
2024-12-21	Comparison and evaluation of methods to infer gene regulatory networks from multimodal single-cell data
2024-11-19	PhosX: data-driven kinase activity inference from phosphoproteomics experiments *Bioinformatics*
2024-07-02	Comprehensive evaluation of phosphoproteomic-based kinase activity inference (preprint) *bioRxiv*
2024-01-01	Progression of MASLD goes along with significant changes of a recruited and TGFb sensitive macrophage population *Zeitschrift für Gastroenterologie*
2023-11-10	Expanding the coverage of regulons from high-confidence prior knowledge for accurate estimation of transcription factor activities *Nucleic Acids Research*
2023-06-26	Gene regulatory network inference in the era of single-cell multi-omics. *Nat Rev Genet*
2023-02-01	Phosphoproteomic analysis of metformin signaling in colorectal cancer cells elucidates mechanism of action and potential therapeutic opportunities *Clinical and Translational Medicine*
2023-01-01	Hepatocytes reprogram liver macrophages involving control of TGF-β activation, influencing liver regeneration and injury *Hepatology Communications*