

Michael Jahn

Curriculum vitae

Persönliches

Name Dr. rer. nat. Michael Jahn

Geburtsdatum 31. Dezember 1985

Geboren in Dresden

Addresse Strasse, PLZ, Ort

Mobil +49 123 456 789

Email jahn@email.de

Aktuelle Anstellung

Wissenschaftler, Bioinformatics Platform, Arbeitsgruppe von Emmanuelle Charpentier, Max-Planck-Unit for the Science of Pathogens (MPUSP), Berlin.

Ausbildung

10. Juli 2015 **Verleihung des Doctor rerum naturalium**, der Universität Leipzig, mit Auszeichnung (*summa cum laude*).

2011–2015 **Doktorand**, in der Gruppe von Prof. Susann Müller, Abteilung Umweltmikrobiologie, Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ), Leipzig.

Doktorarbeit: "Characterization of population heterogeneity in a model biotechnological process using *Pseudomonas putida*".

2005–2011 **Diplomstudium Biologie**, Technische Universität Dresden (TUD), Hauptfächer: Genetik, Biochemie, Immunologie.

Diplomarbeit: "Dynamic mating pheromone gradients for induction of mating projection and fluorescence in yeast", AG Prof. Gerhard Rödel, Note 1.2.

1996–2004 **Gymnasium**, Romain-Rolland-Gymnasium, Dresden, Abitur mit Note 1.6.

Arbeitserfahrung

8/2022-now **Wissenschaftler**, Bioinformatics Platform, Arbeitsgruppe von Emmanuelle Charpentier, Max-Planck-Unit for the Science of Pathogens (MPUSP), Berlin.

Wissenschaftler, in der Arbeitsgruppe von Prof. Paul Hudson, Science For Life
 05/2022 Laboratory – Königlich Technische Hochschule (KTH), Stockholm. Systembiologie und Data Science zur Untersuchung des Metabolismus autotropher Bakterien..

Aug-Dez 2009 **Erasmus-Praktikum**, Center of Excellence in Evolutionary Genetics and Physiology, AG Prof. Mikko Nikinmaa, Abteilung Biologie, Universität Turku, Finnland.

2008–2009 **Studentische Hilfskraft**, Institut für Genetik, AG Prof. Gerhard Rödel, Abteilung Biologie, Technische Universität Dresden.

2007–2008 **Studentische Hilfskraft**, Mitteldeutscher Praxisverbund Humangenetik, Dresden.

2004–2005 **Freiwilliges Ökologisches Jahr**, Nationalpark Sächsische Schweiz, Abteilung Umweltbildung.

Elternzeit

11/2019–3/2020 Elternzeit mit zweitem Kind Sophie 9/2015–4/2016 Elternzeit mit erstem Kind Simon

Auszeichungen

25 Nov 2015 **PhD-Award** 2015 des Helmholtz-Zentrums für Umweltforschung, Leipzig. Jährlich verliehen für ausgezeichnete Dissertationen, dotiert mit 1,000 €.

Eingeworbene Drittmittel

11 Nov 2019 Projekt: **Investigation of protein resource allocation in the model CO₂ fixing bacterium** *Ralstonia eutropha***. Zuwendungsgeber: Schwedischer Wissenschaftsrat, FORMAS. Projektnummer: 2019-01491. Projektleiter: Dr. Michael Jahn. Förderperiode 01. 01. 2020 – 31. 12. 2021. Fördermittel: 2,000,000 SEK (200,000 Euro).**

Lehre und Betreuung

Vorlesung für den Kurs KE2130 "Renewable fuels", an der KTH Stockholm. Wintersemester 2020/2021 und 2021/2022. Thema: Systembiologie, Metabolic engineering, Biokatalyse, Modellierung, Flux balance analysis.

Vorlesung für den Kurs "Einführung in die Programmiersprache R" und deren Anwendung für die Durchflusszytometrie, am Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Leipzig, 2015.

Doktorandenvertretung Ehrenamtliches Mitglied der Doktorandenvertretung und des Umweltrates des
Helmholtz-Zentrums für Umweltforschung, Leipzig, 2011-2015. Aufgaben: Analyse und Steigerung der Umweltverträglichkeit des UFZ, Beratung und Mentoring
von beginnenden Doktoranden, Organisation von Events.

Street name, number − ZIP code City, Country \$\infty\$ +49 123 456789 • \infty jahn@email.de Betreuung von Bachelor- und Masterstudenten während Doktoranden- und Postdoc-Tätigkeit

Qualifikationen und Expertise

Methoden Analytisches Denken, Verstehen komplexer Zusammenhänge,

Projektmanagement, Betreuung, Mitarbeiter-Führung,

Wissenschaftliches Schreiben für Publikationen, Proposals, Reports,

Design experimenteller Strategien zur Problemlösung,

Explorative Analyse und Visualisierung von komplexen (biologischen) Daten,

Erstellung von Pipelines zur automatisierten Datenverarbeitung, Anwendung von Clustering und Machine Learning Algorithmen,

Expertise in Hochdurchsatzverfahren (Next generation sequencing, Massen-

spektrometrie),

Programmier- R inklusive Shiny (Experte), Python (fortgeschritten), Linux Bash, Markdown, Lasprachen tex (gelegentliche Nutzung).

Software- WeightedTreemaps, ShinyTreemaps – Visualisierung von Genexpression mit Entwicklung Treemaps, CRAN package.

ShinyProt, ShinyLib, ShinyMC – Interaktive Apps zur Visualisierung von Proteomikdaten, Gen-Knockout-Bibliotheken, und Überwachen von Bioreaktoren.

fluctuator – R Paket zur Visualisierung von metabolic flux Daten.

lattice-tools – Erweiterung des R lattice Pakets.

snakemake-crispr-guides, nf-core-crispriscreen – pipelines to create CRISPRi libraries and process resulting NGS data Pipelines für das Design von CRISPR(i)

libraries und Verarbeitung der entstehenden NGS-Daten.

Modellierung Resource allocation-Modell für Synechocystis sp., für GAMS und Python.

Genome scale metabolic model (Python) für Cupriavidus necator.

Genome scale resource balance analysis (RBA)-Modell for Cupriavidus necator

(Python).

Weiterbildung Anerkannter Projektleiter und Beauftragter für die biologische Sicherheit

(gemäß § 14,15 GenTSV), 2015.

Peer review und Outreach

Peer review Aktiver Gutachter für verschiedene wissenschaftliche Journale, z.B. Microbial

Cell Factories, Molecular Systems Biology, Photosynthesis Research, und an-

dere. Eine vollständige Liste ist verfügbar bei Publons oder ORCID.

Outreach Alle Software, Pipelines und Datensätze sind verfügbar bei Github oder spezial-

isierten Datenbanken. Forschungstätigkeiten werden kommuniziert mittels

Homepage, ResearchGate, und Twitter.

Sprachen

Deutsch Muttersprache

Englisch Fliessend in Wort und Schrift, CEF level C1

Schwedisch Fliessend in Wort und Schrift, CEF level B2

Publikationen

- Miao R, Jahn M, Shabestary K, Peltier G, Hudson EP. CRISPR interference screens reveal growth-robustness tradeoffs in Synechocystis sp. PCC 6803 across growth conditions. The Plant Cell, 2023. Link.
- Grätz L, Kowalski-Jahn M, Scharf MM, Kozielewicz P, Jahn M, Bous J, Lambert NA, Gloriam DE, Schulte G. Pathway selectivity in Frizzleds is achieved by conserved micro-switches defining pathway-determining, active conformations. Nature Communications, 2023. Link.
- Janasch M, Crang N, Asplund-Samuelsson J, Sporre E, Bruch M, Gynnå A, Jahn M, Hudson EP. Thermodynamic limitations of PHB production from formate and fructose in Cupriavidus necator. Metabolic engineering, 2022. Link.
- Jahn M, Crang N, Janasch M, Hober A, Forsström B, Kimler K, Mattausch A, Chen Q, Asplund-Samuelsson J, Hudson EP. Protein allocation and utilization in the versatile chemolithoautotroph Cupriavidus necator, eLife, 10, 2021. Link.
- Karlsen J, Asplund-Samuelsson J, Jahn M, Vitay D, Hudson EP. Slow Protein Turnover Explains Limited Protein-Level Response to Diurnal Transcriptional Oscillations in Cyanobacteria. Frontiers in Microbiology, 12, 820, 2021. Link.
- Yao L, Shabestary K, Björk SM, Asplund-Samuelsson J, Joensson HN, Jahn M, Hudson EP. Pooled CRISPRi screening of the cyanobacterium Synechocystis sp PCC 6803 for enhanced industrial phenotypes. Nature Communications, 2020. Link.
- Karlsen J, Asplund-Samuelsson J, Thomas Q, Jahn M, Hudson EP. Ribosome Profiling of Synechocystis Reveals Altered Ribosome Allocation at Carbon Starvation. MSystems 3, e00126-18, 2018. Link.
- Jahn M, Vialas V, Karlsen J, Maddalo G, Edfors F, Forsström B, Uhlén M, Käll L, Hudson EP. Growth of Cyanobacteria Is Constrained by the Abundance of Light and Carbon Assimilation Proteins. Cell Reports 25, 478–486.e8., 2018. Link.
- Shabestary K, Anfelt J, Ljungqvist E, Jahn M, Yao L, Hudson EP. Targeted Repression of Essential Genes To Arrest Growth and Increase Carbon Partitioning and Biofuel Titers in Cyanobacteria. ACS Synthetic Biology, 7, 1669–1675, 2018. Link.
- Jahn M, Vorpahl C, Hübschmann T, Harms H, Müller S. Copy number variability of expression plasmids determined by cell sorting and Droplet Digital PCR. Microbial Cell Factories, 2016. Link.
- Lindmeyer M, Jahn M, Vorpahl C, Müller S, Schmid A, Bühler B. Variability in subpopulation formation propagates into biocatalytic variability of engineered Pseudomonas putida strains. Frontiers in microbiology 6, 2015. Link.
- Lieder S, Jahn M, Koepff J, Müller S, Takors Ralf. Environmental stress speeds up DNA replication in Pseudomonas putida in chemostat cultivations. Biotechnology journal, 2015. Link.
- Jahn M, Günther S, Müller S. Non-random distribution of macromolecules as driving forces for phenotypic variation. Current Opinion in Microbiology. 25:49-55,
 2015. Link.

- Rödiger S, Burdukiewicz M, Blagodatskikh K, Jahn M, Schierack P. R as an environment for reproducible analysis of DNA amplification experiments. R Journal 7/1:127-150, 2015. Link.
- Jahn M, Vorpahl C, Türkowsky D, Lindmeyer M, Bühler B, Harms H, Müller S. Accurate determination of plasmid copy number of flow-sorted cells using droplet digital PCR. Analytical Chemistry 86:5969-76, 2014. Link.
- Lieder S, Jahn M, Seifert J, von Bergen M, Müller S, Takors R. Subpopulationproteomics reveal growth rate, but not cell cycling, as a major impact on protein composition in Pseudomonas putida KT2440. AMB Express 4:71, 2014. Link.
- Jahn M, Seifert J, von Bergen M, Schmid A, Bühler B, Müller S. Subpopulationproteomics in prokaryotic populations. Current Opinion in Biotechnology 24:79-87, 2013. Link.
- **Jahn M**, Seifert J, Hübschmann T, von Bergen M, Harms H, Müller S. *Comparison of preservation methods for bacterial cells in cytomics and proteomics*. Journal Of Integrated Omics 3:1-9, **2013**. Link.
- **Jahn M**, Mölle A, Rödel G, Ostermann K. *Temporal and spatial properties of a yeast multi-cellular amplification system based on signal molecule diffusion*. Sensors 13:14511-22, **2013**. Link.