

## Laudatio

Auf Beschluss des zuständigen Auswahlausschusses zeichnet die Bayerische Akademie der Wissenschaften Herrn Professor Dr. Matthias Mann in Anerkennung seiner bahnbrechenden innovativen Arbeiten zur Technologie in der Biomedizin und Biotechnologie sowie zur Funktionellen Genomik und Proteomik mit dem **Friedrich Wilhelm Joseph von Schelling-Preis** aus.

Eine der innovativsten methodischen Entwicklungen der letzten zehn Jahre ist die Entwicklung von Verfahren zur Analyse von Proteinen mit Hilfe der Massenspektroskopie. Die Möglichkeit, einzelne Proteine in Gemischen, die von definierten Komplexen bis hin zu gesamten Organismen reichen, quantitativ zu erfassen, hat das Spektrum der funktionalen Genomanalyse drastisch erweitert und zahlreiche neue originelle Ansätze in der modernen molekularen Biologie, Biotechnologie und Bioinformatik eröffnet.

Einer der bedeutendsten, wenn nicht der bedeutendste unter den weltweit führenden Forschern, die diese Technologie begründet und mit ihr spektakuläre Erfolge erzielt haben, ist Matthias Mann, seit 2005 Direktor am Max-Planck-Institut für Biochemie. Er hat auf allen Stufen seiner Karriere Entscheidendes zur Erforschung des Proteoms beigetragen. In seiner Promotion entwickelte er Algorithmen, um Proteinmassen zu bestimmen und vermaß zum ersten Mal Fragmentspektren von großen Proteinen. Er trug zur Erarbeitung des Elektrosprayverfahrens zur Ionisation von Peptiden bei, derjenigen Methode, die die Voraussetzung für die Protein-Massenspektroskopie darstellt. Als Postdoctoral Fellow an der Universität Odense in Dänemark und am Europäischen Molekularbiologischen Laboratorium in Heidelberg entwickelte er die erste Methode zur Auffindung von Peptiden in DNA-Sequenzbanken auf der Basis selbst minimaler massenspektroskopischer Information aus Proteinfragmenten. Ihm gelangen drastische Verbesserungen der Sensitivität der Methode durch das Nanoelektrospray-Verfahren sowie wichtige Fortschritte in der Bioanalytik, so dass nun Nanogramm-Mengen von Proben ausreichen. Ein weiterer Höhepunkt seiner methodischen Innovationen war die Erfindung des SILAC-Verfahrens zur quantitativen Bestimmung von Proteinen durch Massenspektrometrie, die eine neue Dimension in die quantitative Biologie einführte.

Matthias Mann hat neben und mit seinen technologischen Entwicklungen exzellente Beiträge zur Hypothesen-getriebenen molekularen Biologie geliefert. Dazu zählen die Bestimmung der Proteinzusammensetzung von Spleißkomplexen der RNA-Reifung, des Anaphase Promoting Complex in der Zellteilung sowie von Histonkomplexen in der Chromatinfunktion, die globale Erfassung von Signaltransduktionswegen, des Gesamtproteoms von Mitochondrien und von ganzen Hefezellen sowie die Erforschung von Alternsprozessen.

Dezember 2010