

Matthias Mann

Biochemie

„Mit der Proteomik wollen wir erstmals den gesamten Eiweiß-Bestand im menschlichen Körper kartieren.“

Meine Damen und Herren,

mit diesen wenigen, gerade gehörten Sätzen von Matthias Mann ist eigentlich alles erklärt. Fast alles.

Denn eines sollte ich ergänzen: Matthias Mann war es, der die Entwicklung und Anwendung von „large-scale“-Proteomics im letzten Vierteljahrhundert mit vielerlei Beiträgen weltweit entscheidend prägte.

Die Sequenzierung von Genomen gilt oft als Durchbruch der modernen Molekularbiologie. Dies ist allerdings nur der erste Schritt auf dem Weg hin zu einem funktionellen Verständnis biologischer Systeme. Gene sind die Blaupausen für Proteine, und biologische Vorgänge hängen davon ab, wo und wann diese Proteine gebildet werden, was sie machen und wie sie interagieren.

Die Sequenzierung eines Genoms beantwortet diese funktionellen Fragen nicht. Ebenso liefert die genomweite Analyse der „Genaktivität“ nur indirekte und partielle Antworten auf solche Fragen. Schade, denn die Genomanalyse wird durch die verhältnismäßig einfache Chemie von Nukleinsäuren erleichtert.

Die Chemie von Proteinen ist dagegen um ein vielfaches komplexer. Diese Komplexität bildet die Grundlage für ihre Rolle in biologischen Systemen, bedeutet allerdings für die Wissenschaft eine enorme analytische und konzeptionelle Herausforderung.

Fortschritte in der Massenspektrometrie komplexer Proteingemische, für die Matthias Mann in herausragender Weise verantwortlich ist, bilden die Grundlage für das Gebiet der „Functional Genomics und Proteomics“. Sie ermöglichen die systematische Analyse einer großen Anzahl von Proteinen in spezifischen funktionellen Zusammenhängen.

Jahrgang 1959, studierte Matthias Mann Physik in Göttingen und befasste sich bereits dort, am MPI für Strömungsforschung bei Jan-Peter Toennies, mit der Massenspektrometrie.

Und während seiner 1988 abgeschlossenen Promotion, an der Yale University im Chemieingenieurwesen beim späteren Nobelpreisträger John Fenn, war er wesentlich an der Entwicklung der Elektrospray-Ionisation für die Massenspektrometrie beteiligt. Diese Technik ermöglichte erst die Massenspektrometrie in Biologie und Medizin, und Manns Doktorarbeit stellt die Basis für alle darauffolgenden Proteinanalysen mithilfe dieser Methode dar.

Eine andere Basis sind Softwarealgorithmen, die die Auswertung der riesigen massenspektrometrischen Datenmengen mithilfe von Sequenzdatenbanken erlauben und damit die Auswertung der experimentellen Ergebnisse um mehrere Größenordnungen beschleunigen.

Diese Methoden wurden von Matthias Mann während seiner Postdoktorandenzeit in der Gruppe von Peter Roepstorff, Odense, Dänemark, bis 1992 und dann am European Molecular Biology Laboratory, am EMBL in Heidelberg, entwickelt.

Die sogenannte „peptide sequence tag“-Methode basiert auf einem zwar einfachen, aber ebenso genialen Konzept: Eine minimale massenspektrometrische Information, also eine kurze Aminosäuresequenz kombiniert mit einer zusätzlichen Information aus dem Massenspektrum, ergibt eine spezifische „virtuelle Sonde“, um nach dem entsprechenden Peptid mit hoher Geschwindigkeit in großen Sequenzdatenbanken zu fahnden.

Matthias Mann war bis 1998 Gruppenleiter am EMBL, und es gelangen ihm und seinem Team eine Reihe weiterer entscheidender Erfolge und technischer Lösungen, die den Weg ebneten für die routinemäßige Anwendung der Massenspektrometrie in der Molekularbiologie.

Hierzu zählen etwa sensitive und Hochdurchsatz-Methoden zur Quantifizierung von Proteinen und Methoden zum Nachweis von Modifikationen von Proteinen. Eine große Anzahl dieser experimentellen Methoden und Datenanalyseverfahren finden heute tagtäglich Anwendung in Tausenden von Laboren.

Matthias Mann ist aber nicht nur ein brillanter Methodenentwickler. In Zusammenarbeit mit zahlreichen, renommierten Arbeitsgruppen wandte er als erster seine neuen Technologien auf verschiedene biologische Fragestellungen an.

So die massenspektroskopische Identifizierung von Multiproteinkomplexen, bei der seine Methode die Reinigung und Analyse von aus vielen Proteinuntereinheiten zusammengesetzten molekularen Maschinen erlaubt – zuerst von ihm 1997 in Hefe und dann 1998 am menschlichen Spliceosome erfolgreich angewendet.

Matthias Mann wurde 1998 Professor für – man höre und staune – Bioinformatik an der Süddänischen Universität in Odense und ist seit 2005 Direktor am MPI für Biochemie in Martinsried und Honorarprofessor an der LMU München.

In Odense entwickelte er eine heute unentbehrliche Schlüsseltechnologie: SILAC, eine schnelle und hoch genaue Methode zur quantitativen Proteomanalyse.

2008 gelang ihm die erste vollständige Proteomanalyse eines Organismus am Beispiel der Bäckerhefe, und die vollständige Vermessung des Proteoms menschlicher Zellen steht kurz bevor.

Matthias Mann hat, wie fast kein anderer Forscher, zur Entwicklung und Anwendung von „large-scale“-Methoden in der funktionellen Genomanalyse beigetragen, insbesondere zur quantitativen Proteomanalyse, ohne die die moderne Biologie mit all ihren Facetten heute nicht möglich wäre. Daher gehört Mann weltweit zu den meist zitierten Wissenschaftlern in den Lebenswissenschaften.

Lieber Herr Mann, Sie können in diesem Jahr ja mehrfach feiern: Nach der Verkündung der diesjährigen Leibniz-Preise im vergangenen Dezember wurden Ihnen auch der Louis-Jeantet-Preis für Medizin und der Ernst-Schering-Preis zugesprochen.

Beginnen wir also mit dem Gottfried Wilhelm Leibniz-Preis, zu dem ich Ihnen sehr herzlich gratuliere!