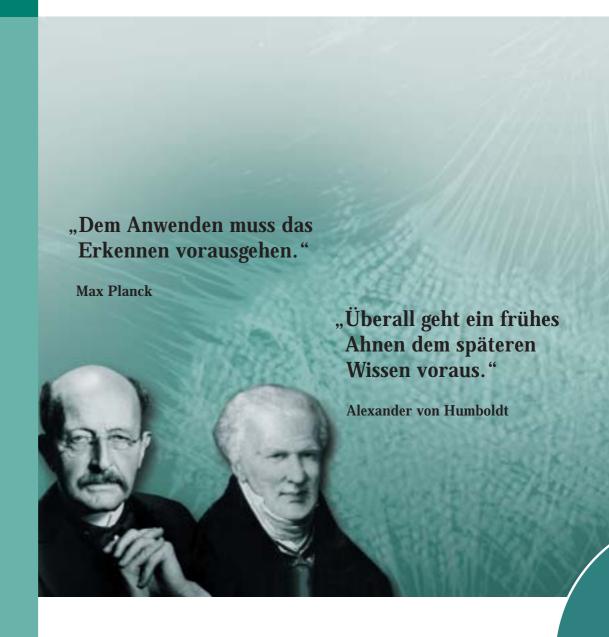


Max-Planck-Forschungspreis

Internationaler Forschungspreis der Alexander von Humboldt-Stiftung und der Max-Planck-Gesellschaft











Vorwort

Der Max-Planck-Forschungspreis wird in diesem Jahr erstmals in seiner neuen Form verliehen.

Gezielt auf Förderung setzen!

Vorwort der Bundesministerin für Bildung und Forschung Edelgard Bulmahn zum Max-Planck-Forschungspreis 2004

Als Stifterin dieses Preises möchte ich auf besonders wichtigen und zukunftsfähigen Forschungsgebieten neue Akzente setzen und Impulse geben, um die Innovationsfähigkeit unseres Landes zu stärken.

Hierbei setzen wir gezielt auf die Förderung der besten Köpfe aus dem In- und Ausland. Und wie kann man die besten Köpfe besser ehren und sichtbar machen als durch Preise, die die Wissenschaftler als Lob und Anreiz für ihre Arbeit verstehen? Mit der Preissumme von je 750.000 Euro ermöglicht diese Auszeichnung, Forschungsar-

beiten sehr flexibel und unbürokratisch voranzubringen. Aber der Erhalt dieses Preises verpflichtet Ein wesentlicher Teil des Preisgeldes soll speziell für die Einbeziehung von Studierenden und Nachwuchswissenschaftlern in die Forschungsarbeiten verwendet werden.

In diesem Jahr wird der Preis auf dem Gebiet der Bioinformatik verliehen. Die Bioinformatik ist die zentrale Basis für die Nutzung der Ergebnisse der Genom-Forschung zur Entwicklung neuer Medikamente und Therapieansätze. Die ausgezeichneten Wissenschaftler sollen dazu beitragen, dieses außerordentlich wichtige Forschungsgebiet am Standort Deutschland voranzu-

Ich gratuliere den diesjährigen Preisträgern sehr herzlich und wünsche ihnen viel Erfolg mit ihrer Arbeit in den kommenden Jahren.

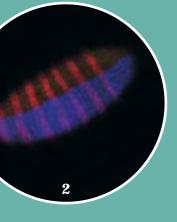


Forschungspreis 2004

Prof. Dr. Eugene W. Myers Department of Electrical Engineering & Computer Sciences University of California, Berkeley

Geboren am 31.12.1953 in Boise, Idaho, studierte Eugene W. Myers Mathematik am California Institute of Technology in Pasadena. Anschließend begann er an der University of Colorado in Boulder das Studium der Computerwissen-schaften, das er 1981 mit seiner Promotion abschloss. Parallel dazu absolvierte Gene Myers verschiedene Forschungstätigkeiten, etwa in den Bell Laboratories in Murray Hill, New Jersey, sowie am National Center for Atmospheric Research in Boulder. 1981 wurde Myers Assistenzprofessor an der University of Arizona. 1999 wechselte er als Abteilungsleiter für Informatikforschung zum Unternehmen Celera Genomics Corp. in Rockville, Maryland. Im Jahr 2003 kehrte er zur universitären Forschung zurück - seither ist Myers Professor für Computerwissenschaften und Molekularbiologie an der University of California in Berkeley. Der Wissenschaftler wurde mit dem ACM Kanellakis Preis 2002 ausgezeichnet und 2003 in die US National Academy of Engineering aufgenommen.

Diese Abbildungen stammen von einem konfokalen Laser-Scanner-Mikroskop. Sie zeigen die Ausprägungsmuster zweier Gene im Embryo einer Fruchtfliege (Drosophila). Das konfokale Mikroskop ermöglicht optische Schnitte durch den Embryo, die zu einem vollständigen 3D-Modell des Embryos und seiner Ausprägungsmuster zusammengesetzt werden können. Das Grün zeigt das Gegenmuster/ Komplementärmuster (counterstain) an. Es zeigt, wo sich die Zellkerne befinden, und ergibt auf diese Weise die Umrisse des Embryos. Die beiden Gene ftz und sna erscheinen in Rot und Blau. Jedes Gen kommt in verschiedener Anzahl in den verschiedenen Teilen des Embryos vor, woraus sich das Ausprägungsmuster ergibt. Mittels dieser Abbildungen wird eine quantitative Messung der Ausprägung der beiden Gene ermöglicht.





Genome: Programme, die Organismen bestimmen

Eugene "Gene" W. Myers, Professor für Computerwissenschaften an der University of California in Berkeley und einer der Pioniere der Bioinformatik, hatte entscheidenden Anteil an der Entschlüsselung des menschlichen Erbgutes.

Er entwickelte Anfang der 90er Jahre zusammen mit anderen Wissenschaftlern das Datenbank-Suchprogramm BLAST, bis heute eines der wichtigsten Werkzeuge der Bioinformatik. Mit BLAST können Datenbanken nach Proteinen oder DNA-Sequenzen durchsucht werden, die einem Protein oder einer DNA-Sequenz ähneln, die der Forscher gerade untersucht. Oft erhält man dadurch wichtige Hinweise auf die Funktion der betreffenden Sequenz.

Bis 1996 konzentrierte sich das Human Genome Program auf einen zweistufigen Ansatz: Zuerst wurde eine Kartierung großer Genabschnitte mit einer Länge von 150.000 Bausteinen erstellt, anschließend wurde diese sequenziert, um die genaue DNA-Struktur zu ermitteln. Damals war man der Ansicht, dass die Kapazität der Computerprogramme zum Lesen der Abschnitte für die Rekonstruktion dieser großen Genabschnitte mit 2.000 Bausteinen begrenzt wäre. Myers und sein Kollege Weber meinten, der erste Schritt sei unnötig man könne stattdessen 50.000.000 Bausteine direkt vom menschlichen Erbgut sequenzieren. Unter Berücksichtigung der Tatsache, dass diese paarweise abgelesen werden und sich

die Paare in einem
bestimmten Abstand
zueinander befinden, könnte das
Genom direkt
rekonstruiert
werden. Myers
demonstrierte
diese Methode
mithilfe von
Computersimulationen, doch niemand wollte seinen
Berechnungen glauben.

1998 wurde das US-Unternehmen Celera gegründet, das genau diese Methode einsetzte und dafür eine neue Generation automatischer Sequenzanalysatoren verwendete. Myers konnte damit beweisen, dass er sein Puzzle mit 50 Millionen Teilen auch wirklich lösen konnte. Er übernahm die Leitung der Forschungsabteilung für Bioinformatik bei Celera. Seine Entwürfe waren überaus erfolg-

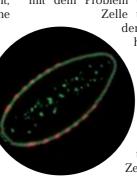
reich und ermöglichten die Sequenzierung des Erbguts der Fruchtfliege, des Menschen und der Maus innerhalb von nur drei Jahren. Die tatsächlichen Kosten betrugen dabei nur ein Zehntel des ursprünglich angenommenen Wertes.

Myers verließ Celera 2002, um sich einer neuen Aufgabe zu widmen. An der Universität Berkeley wollte er herausfinden, wie das Erbgut die Entwicklung einer Spezies von einer einzigen Zelle bis ins Erwachsenenstadium steuert. Nach der Sequenzierung des menschlichen Genoms beschäftigte er sich mit dem Problem der Dekodierung der

mit dem Problem der Dekodierung der Zelle und der Erforschung der Systembiologie mit-

hilfe der Informatik. Die
Entwicklung eines
komplexen Metazoons wie der Fruchtfliege schien für
diese Untersuchungen ideal, da sich
speziell die Transkriptionsmechanismen der
Zelle (das Aktivieren und
Deaktivieren der Gene) ver-

mutlich innerhalb dieser raschen, vorprogrammierten Phase der phänotypischen Veränderung abspielen. Er untersuchte die Fruchtfliege D. melanogaster sowie den Fadenwurm C. elegans während der ersten zwölf Stunden ihrer Entwicklung. Um sämtliche Gene der Fruchtfliege verstehen und entschlüsseln zu können, möchte Myers nicht nur mit dieser Spezies arbeiten, sondern das Erbgut von zwölf verschiedenen, aber miteinander verwandten Arten untereinander vergleichen. Mithilfe von Konfokalmikroskopen und Substanzen zum Einfärben bestimmter Gene hofft er. einen "Atlas" der Gene nach zeitlichen und räumlichen Gesichtspunkten innerhalb des Entwicklungsprozesses zu erstellen. Seiner Ansicht nach würde ein solcher Atlas es den Forschern ermöglichen, innerhalb kurzer Zeit die Funktion und Steuerung sämtlicher Gene des genetischen Entwicklungsprogramms zu entschlüsseln.



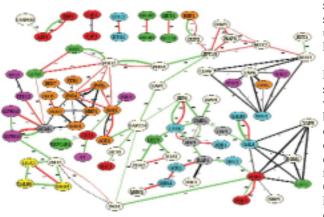
Prof. Dr. Martin Vingron

Die Bioinformatik ist eine junge Wissenschaft, die sich mit der rechnergestützten Analyse und Verarbeitung biologischer Informationen befasst. Dieses neue Gebiet vereinigt in sich so unterschiedliche Forschungsdisziplinen wie Molekularbiologie und Statistik, Informatik und Genetik. Professor Martin Vingron, Direktor am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin, ist einer der weltweit führenden Wissenschaftler auf diesem Gebiet. Der Mathematiker entwickelt Computerverfahren, mit denen molekularbiologische Daten systematisch ausgewertet werden können. Seit Beginn



Bioinformatik: DNAdel im Heuhaufen

Seit Beginn seiner wissenschaftlichen Tätigkeit war Vingron fasziniert vom Zusammenspiel der Gene innerhalb des Organismus.



Ausschnitt aus dem "Gen-Netzwerk" der Transkriptionsfaktoren der Bäckerhefe.

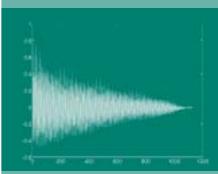
seiner wissenschaftlichen Tätigkeit war Vingron fasziniert vom Zusammenspiel der Gene innerhalb des Organismus. Sein Hauptinteresse galt in den letzten Jahren der Untersuchung der Aktivitätsmuster der Gene bei verschiedenen Zuständen der Zellen. Durch neue Experimente mit "Gen-Chips" oder "Bio-Chips" stehen heute Erhebungen des Spektrums aktiver Gene in verschiedenen Zellen oder Geweben zur Verfügung. Die mathematische und statistische Untersuchung dieser Daten gehört zu den Interessen Vingrons und seiner Mitarbeiter. Zahlreiche Krankheiten, ja sogar einzelne Krankheitsstadien können durch das spezifische Aktivitätsmuster, das Genexpressionsprofil, der menschlichen Gene charakterisiert werden. Durch die Analyse dieser Daten soll die medizinische Diagnostik und Prognostik verbessert werden. Die technologische Basis für diese Entwicklung steht kurz vor dem Einsatz in der medizinischen Alltagspraxis. Die Arbeiten Vingrons und seiner Mitarbeiter stellen einen wesentlichen Beitrag zu dieser Entwicklung dar.

Martin Vingrons Untersuchungen der unterschiedlichen Aktivität der Gene führten ihn weiter zu der Frage, wodurch diese Aktivität bedingt bzw. verhindert wird. Dies geht über das Identifizieren der Gene und Genprodukte, wie man sie durch die Genomsequenzierung erreicht hat, hinaus. Heute fasziniert ihn vor allem jener Teil des DNA-Codes, der nicht einzelne Genprodukte kodiert, sondern die Kommandos, durch die ein Gen oder eine Gruppe von Genen ein anderes aktiviert. So sagt zum Beispiel auch die Liste der Mitarbeiter einer Firma noch nichts darüber aus, wie das Unternehmen funktioniert oder wer wen anleitet. Das Funktionieren eines Organismus bzw. das geordnete Zusammenspiel seiner Gene wird durch bestimmte Proteine (Transkriptionsfaktoren) überwacht, die gewisse Gene je nach den aktuellen Anforderungen anoder ausschalten. Vingron arbeitet an der Erforschung jener DNA-Muster,

der Kommandos, mithilfe derer eine Gruppe von Genen andere Gene steuern kann. Das ehrgeizige Fernziel ist es, ein umfassendes Netzwerk des komplexen Zusammenwirkens der Gene zu erstellen und so den "Genatlas" des menschlichen Erbguts zunehmend mit Leben zu füllen.

Prof. Dr. Martin VingronDirektor am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik, Berlin

Martin Vingron, am 5.10.1961 in Wien geboren, studierte an der Universität Wien Mathematik bis zum Diplom. Seine Promotion an der Universität Heidelberg erlangte er mit einer Arbeit am European Molecular Biology Laboratory, ebenfalls in Heidelberg. Von 1991 an forschte Vingron zwei Jahre lang an der University of Southern California in Los Angeles. Anschließend zog es ihn wieder nach Deutschland: Nach zwei weiteren Jahren am Forschungszentrum Informationstechnik in St. Augustin bei Bonn kehrte Vingron als wissenschaftlicher Abteilungsleiter in das Deutsche Krebsforschungszentrum nach Heidelberg zurück. Im Jahr 2000 folgte Martin Vingron dem Ruf zum Direktor am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin. Seit 2001 ist er zudem Honorarprofessor am Fachbereich Mathematik und Informatik der Freien Universität



Einige Muskelproteine zeigen eine regelmäßige innere Struktur, die mathematisch wie Schwingungen dargestellt werden kann.



Aminosäure-Sequenzen verwandter Gene in verschiedenen Organismen zeigen ähnliche Muster.

GNC

GNS

GNS

ANG

LNA

GNA

s

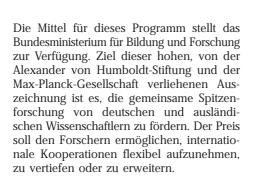
GGNL





Internationaler Forschungspreis der Alexander von Humboldt-Stiftung und der Max-Planck-Gesellschaft

Die Förderung wissenschaftlicher Exzellenz ist ein gemeinsames Anliegen der Max-Planck-Gesellschaft und der Alexander von Humboldt-Stiftung. Die internationale Zusammenarbeit von Spitzenforschern spielt dabei eine zunehmend wichtige Rolle. Der Max-Planck-Forschungspreis soll diese Entwicklung wirkungsvoll unterstützen. Mit einer Preissumme von jeweils 750.000 Euro werden ein in Deutschland und ein im Ausland tätiger Wissenschaftler ausgezeichnet, die bereits international anerkannt sind und von denen im Rahmen internationaler Kooperationen weitere wissenschaftliche Spitzenleistungen erwartet werden.



Stärkung innovativer Forschungsgebiete

Vom Max-Planck-Forschungspreis gehen erhebliche Signalwirkungen für die weitere Förderung und Strukturbildung in der jeweils ausgewählten Fachdisziplin aus. Der Schwerpunkt liegt dabei auf innovativen Forschungsgebieten, die am Wissenschaftsstandort Deutschland weiter gestärkt werden sollen. Im jährlichen Wechsel wird der Max-Planck-Forschungspreis jeweils in einem Teilgebiet der Natur- und Ingenieurwissenschaften, der Lebenswissenschaften oder der Geisteswissenschaften ausgeschrieben. Die Auswahl der Fachgebiete treffen die Alexander von Humboldt-Stiftung und die Max-Planck-Gesellschaft gemeinsam. Für das Jahr 2004 wurde der Preis auf dem Gebiet der Bioinformatik ausgelobt.

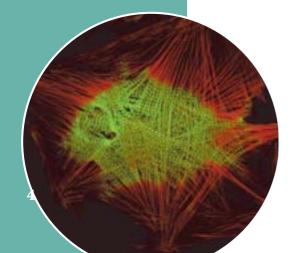


In den vergangenen Jahren hat nicht nur der weltweite Wettbewerb um die Wissenschaftseliten zugenommen, sondern sich auch das Förderspektrum gewandelt. So wurde der Max-Planck-Forschungspreis in diesem Jahr neu positioniert. Es werden nicht mehr wie bisher zwölf, sondern zwei WissenschaftlerInnen ausgezeichnet, von denen jede(r) eine Preissumme von 750.000 Euro erhält. Damit wird die Forschung auf selbst gewählten Gebieten mit Partnern in Deutschland und im Ausland gefördert. Ein zentrales Element der Neuausrichtung des Preises ist die verstärkte Einbeziehung von Nachwuchswissenschaftlern und Studenten in die Forschungsarbeiten der Preisträgerinnen und Preisträger.

"Bio"-"Informatik": Symbiose mit hoher Effizienz

Die Biologie findet in der Informationswissenschaft eine ideale Ergänzung, denn viele natürliche Prozesse lassen sich sehr gut in der formalen Sprache der Mathematik beschreiben. Die Fragestellung ist alt, die Ansätze sind neu: Welche Probleme muss eine Zelle lösen, und welche genialen Möglichkeiten schöpft sie dabei aus? Die Nähe der Mathematik zu den Biowissenschaften eröffnet ein breites Feld für Erkenntnisse jenseits aller bisherigen Möglichkeiten. Im interdisziplinären Zugang werden Experimente beschrieben und schließlich in einem mathematischen Verfahren abgebildet. Am Computer werden Erklärungen gefunden und neue Schlüsse gezogen. Die Erfolgsgemeinschaft steht zwar erst am Anfang, dennoch verzeichnet sie schon heute große Fortschritte. Die Bioinformatik hat viele Programme entwickelt, die heute schon im Laboralltag Verwendung finden. Nicht zuletzt vermag die enorme Rechnerleistung moderner Computer wissenschaftlichen Erkenntnisgewinn weiter zu beschleunigen.





Max-Planck-Gesellschaft

Forschen für die Zukunft unseres Landes: Max-Planck-Gesellschaft

Die Max-Planck-Gesellschaft wirkt als Schrittmacher für den wissenschaftlichen Fortschritt. Mit einem jährlichen Etat von 1,3 Milliarden Euro fördert sie in 78 Max-Planck-Instituten Grundlagenforschung auf internationalem Spitzenniveau in den Lebens-, Natur- und Geisteswissenschaften. Mehr als 12.000 Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter – und weitere 9.000 studentische Hilfskräfte, Doktoranden und Gastwissenschaftler – sind in der Forschung tätig und schaffen die Voraussetzung für wirtschaftliche und gesellschaftliche Innovationen.

Die Max-Planck-Gesellschaft hat sich international hohes Ansehen erarbeitet. 15 ihrer Wissenschaftler sind mit dem Nobelpreis ausgezeichnet worden, 30 Max-Planck-Wissenschaftler erhielten den Leibniz-Preis, den höchstdotierten deutschen Forschungspreis. Die Max-Planck-Gesellschaft greift neue,

aussichtsreiche Forschungsrichtungen auf, die an den Universitäten in Deutschland noch keinen Platz gefunden haben, und ergänzt damit die Arbeit der Universitäten und Hochschulen. Gemeinsam mit den Universitäten engagiert sich die Max-Planck-Gesellschaft auch bei der Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses: An den derzeit 29 International Max Planck Research Schools (IMPRS) haben inzwischen mehr als tausend Doktoranden aus aller Welt die Chance erhalten, sich für eine Laufbahn in der Forschung zu qualifizieren.

Mehr denn je gelingen Fortschritte in der Forschung durch den Austausch von Erkenntnissen und Erfahrungen in internationaler Zusammenarbeit. Deshalb fördert die Max-Planck-Gesellschaft über 1400 gemeinsame Projekte mit Wissenschaftsorganisationen in den westeuropäischen Ländern, Israel, den USA, Japan und China.

http://www.maxplanck.de



Prof. Dr. Peter GrussPräsident der
Max-Planck-Gesellschaft

"Internationale Kooperationen stärken die wissenschaftliche Leistungsfähigkeit unseres Landes und sichern die Exzellenz in der Spitzenforschung."

Alexander von Humboldt-Stiftung

Internationale Brücken des Dialogs: Alexander von Humboldt-Stiftung

Die Alexander von Humboldt-Stiftung ist eine von der Bundesrepublik Deutschland errichtete gemeinnützige Stiftung. Sie fördert die internationalen Wissenschaftsbeziehungen Deutschlands durch Länder- und Fächergrenzen überschreitende Zusammenarbeit von ausländischen und deutschen Spitzenforscherinnen und Spitzenforschern. Auf diese Weise trägt sie dazu bei, die Leistungsund Innovationsfähigkeit der Wissenschaft in Deutschland und im Ausland zu stärken.

Forschungsstipendien und Forschungspreise der Alexander von Humboldt-Stiftung ermöglichen hoch qualifizierten Wissenschaftlern aus dem Ausland langfristige Forschungsaufenthalte in Deutschland. Die Vergabe der Stipendien und Preise erfolgt in einem länder- und fächerübergreifenden Wettbewerb. Das alleinige Auswahlkriterium ist die wissenschaftliche Qualifikation der Bewerber und Nominierten.

Allen Programmen gemeinsam ist, dass sich an die Erstförderung ein lebenslanger Nachkontakt anschließt: "Einmal Humboldtianer, immer Humboldtianer." Heute verbindet das Humboldt-Netzwerk in 130 Ländern rund 23.000 Humboldtianer aller Fachgebiete, die weltweit als Deutschland verbundene Multiplikatoren tätig sind. Seit 1962 wurden etwa 100 Humboldt-Vereinigungen in 60 Ländern gegründet. Im Jahr 2003 erhöhte sich die Zahl der Nobelpreisträger unter den Humboldtianern auf 35.

http://www.humboldt-foundation.de



Prof. Dr. Wolfgang FrühwaldPräsident der
Alexander von Humboldt-Stiftung



Max-Planck-Forschungspreis

Der Internationale Forschungspreis der Alexander von Humboldt-Stiftung und der Max-Planck-Gesellschaft wird in diesem Jahr erstmals in seiner neuen Form verliehen.

Die Preisträger

Prof. Dr. Eugene W. Myers University of California, Berkeley

Eugene "Gene" Myers ist Professor für Computerwissenschaften und Molekularbiologie an der University of California in Berkeley. Der Wissenschaftler wurde mit dem ACM Kanellakis Preis 2002 ausgezeichnet und 2003 in die US National Academy of Engineering aufgenommen.



Prof. Dr. Martin VingronMPI für molekulare Genetik, Berlin

Martin Vingron ist seit dem Jahr 2000 Direktor am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin. Seit 2001 ist er zudem Honorarprofessor im Fachbereich Mathematik und Informatik der Freien Universität Berlin.





Referat für Presse- und Öffentlichkeitsarbeit der Max-Planck-Gesellschaft zur Förderung der Wissenschaften e. V.

Hofgartenstraße 8 D-80539 München

Tel. 089 / 2108-1276 Fax 089 / 2108-1207 presse@gv.mpg.de