

AKADEMIE DER
WISSENSCHAFTEN
IN HAMBURG

Hamburger
Wissenschaftspreis
2021

Verleihung des Hamburger Wissenschaftspreises 2021

DER HAMBURGISCHEN STIFTUNG
FÜR WISSENSCHAFTEN, ENTWICKLUNG UND KULTUR
HELMUT UND HANNELORE GREVE

an

HERRN PROFESSOR DR. DR. FABIAN J. THEIS
Leiter des Helmholtz Munich Computational Health Centers
Professor für Mathematische Modellierung biologischer Systeme,
Technische Universität München

FREITAG, 12. NOVEMBER 2021, 11:00 UHR
HAMBURGER RATHAUS

GRUSSWORT

Katharina Fegebank
*Zweite Bürgermeisterin der Freien und Hansestadt Hamburg
Senatorin in der Behörde für Wissenschaft, Forschung, Gleichstellung und Bezirke*

BEGRÜSSUNG

Professor Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer
Präsident der Akademie der Wissenschaften in Hamburg

ÜBER DIE STIFTER DES HAMBURGER WISSENSCHAFTSPREISES

Film

VORSTELLUNG DES HAMBURGER WISSENSCHAFTSPREISES 2021

Professor Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer

VORSTELLUNG DES PREISTRÄGERS

Film

LAUDATIO AUF DEN PREISTRÄGER

Professor Dr. Christoph Bock
*CeMM Research Center for Molecular Medicine der Österreichischen Akademie der
Wissenschaften
Professor für Medizinische Informatik, Medizinische Universität Wien*

VERLEIHUNG DES HAMBURGER WISSENSCHAFTSPREISES 2021

Eva-Maria Greve
*Vorstand der Hamburgischen Stiftung für Wissenschaften, Entwicklung und Kultur
Helmut und Hannelore Greve
Professor Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer*

DANKWORT UND VORSTELLUNG DER VERWENDUNG DES PREISGELDES

Professor Dr. Dr. Fabian J. Theis
*Leiter des Helmholtz Munich Computational Health Centers
Professor für Mathematische Modellierung biologischer Systeme, Technische
Universität München*

SCHLUSSWORT

Professor Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer

Im Anschluss laden wir zu einem Empfang.

Mit freundlicher Unterstützung der Behörde für Wissenschaften, Forschung, Gleichstellung und Bezirke
der Freien und Hansestadt Hamburg

Die Stifter des Hamburger Wissenschaftspreises – Helmut und Hannelore Greve

Prof. Dr. Dr. h. c. Helmut Greve und Prof. Dr. h. c. Hannelore Greve bauten nach dem 2. Weltkrieg ein Unternehmen mit mehr als 50 Firmen auf. Ihr umfangreicher Immobilienbesitz, der sich weit gestreut in der Bundesrepublik verteilt, prägt das Stadtbild besonders von Hamburg, hier vor allem durch die Alstercity am Osterbekkanal.

Aus eigenem Vermögen errichteten Helmut und Hannelore Greve u. a. die Flügelbauten zum Hauptgebäude der Universität und den Bibliotheksneubau für die Hochschule für Musik und Theater Hamburg.

1995 gründeten sie die Hamburgische Stiftung für Wissenschaften, Entwicklung und Kultur Helmut und Hannelore Greve.

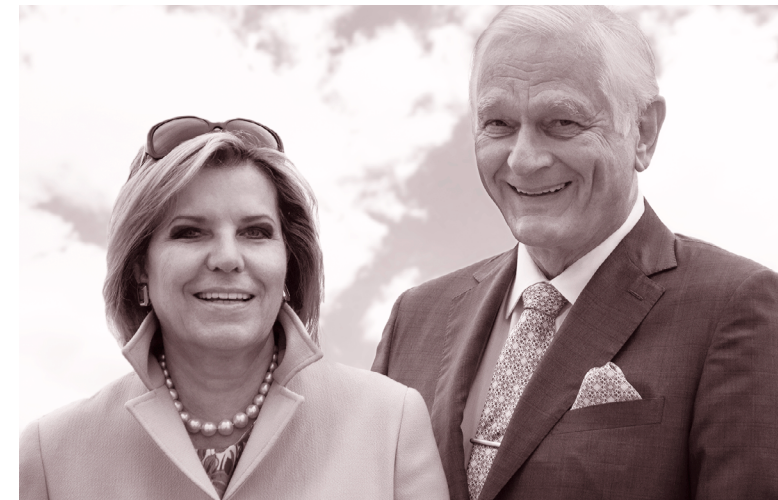
Im kulturellen Bereich liegt ein Schwerpunkt in der Förderung der Elbphilharmonie, ein anderer in der Präsentation Ungarns als eines unverzichtbaren Teils Europas. Im wissenschaftlichen Bereich wurde zuletzt die Helmut und Hannelore Greve-Stiftungsprofessur für Seltene Erkrankungen am Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf errichtet. Im Anschluss wird nun die klinische Arbeit für Menschen mit seltenen Krankheiten wesentlich unterstützt und ihre Versorgung langfristig verbessert.

Helmut und Hannelore Greve ermöglichten die Gründung der Akademie der Wissenschaften in Hamburg mit einer Anschubfinanzierung über drei Jahre und stimmten der Ausschreibung eines hochdotierten Hamburger Wissenschaftspreises zu, dessen inhaltliche Ausrichtung sie mit der Akademie gemeinsam festlegen wollten.

Ihr Verantwortungsbewusstsein, ihr Gespür für Qualität und ihre Einsicht ins Notwendige und Machbare haben auch die Arbeit der Stiftung geprägt und prägen sie noch heute. Frau Eva-Maria Greve und Herr Wolfgang Peter Greve führen als Vorstand die Stiftungsarbeit in diesem Sinne fort.



Prof. Dr. h. c. Hannelore Greve, Prof. Dr. h. c. Helmut Greve (†)



Eva-Maria Greve, Wolfgang Peter Greve

Über den Hamburger Wissenschaftspreis 2021

Bereits zum siebten Mal verleiht die Akademie der Wissenschaften in Hamburg in diesem Jahr den Hamburger Wissenschaftspreis. Mit ihm zeichnet sie eine hervorragende Forschungsleistung aus und setzt dabei den Akzent auf ein Thema größter wissenschaftlicher und gesellschaftlicher Bedeutung. Der Preis wird im Namen der Hamburgischen Stiftung für Wissenschaften, Entwicklung und Kultur Helmut und Hannelore Greve vergeben, die ihn mit 100.000 Euro ausstattet. Er ist damit der höchstdotierte Preis einer Wissenschaftsakademie in Deutschland und wird alle zwei Jahre verliehen.

Die Höhe des Preisgeldes ist wichtig, bestimmt aber nicht allein die Dignität eines Preises. Diese wird definiert auch durch die Bedeutung der thematischen Festlegung, die Persönlichkeit der Preisempfängerin oder des Preisempfängers, die fachliche Kompetenz der Jury und die öffentliche Aufmerksamkeit, mit der der Preis und die Preisverleihung wahrgenommen werden. Sie spiegelt sich am besten in der Bereitschaft des Ersten Bürgermeisters der Freien und Hansestadt Hamburg wider, die Preisverleihung im Rathaus stattfinden zu lassen und die Schirmherrschaft über die Veranstaltung zu übernehmen.

Auf die siebte Ausschreibung des Hamburger Wissenschaftspreises für das Jahr 2021 zum Thema „Künstliche Intelligenz in der Medizin“ erhielt die siebenköpfige Jury unter dem Vorsitz des Akademiepräsidenten Professor Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer insgesamt sieben Nominierungen. Sie wurden vorgeschlagen von Universitäten, Forschungseinrichtungen und Wissenschaftsinstitutionen aus ganz Deutschland. Der Dank der Akademie gilt an dieser Stelle allen Mitgliedern der Auswahlkommission ebenso wie allen Personen und Institutionen, die Vorschläge für den Wissenschaftspreis eingereicht haben.

In ihrer Sitzung am 14. Juni 2021 entschied sich die Jury einstimmig für Herrn Professor Dr. Dr. Fabian J. Theis, Leiter des Helmholtz Munich Computational Health Centers und Professor für Mathematische Modellierung biologischer Systeme an der Technischen Universität München. Sie würdigt damit seine bahnbrechenden Arbeiten auf dem Gebiet der Künstlichen Intelligenz (KI) in biomedizinischen Anwendungen, vor allem im Bereich der Einzelzellbiologie. Herr Theis setzt die KI von der biomedizinischen Forschung über das Gesundheitswesen bis hin zur Präzisionsmedizin ein. Er hat den enormen Wert von KI-basierten Technologien in mehreren Anwendungen erfolgreich demonstriert. Seine Forschung trägt substantiell dazu bei, die hohen Erwartungen an die Künstliche Intelligenz im Bereich der Prävention, Diagnostik und Therapie zu erfüllen und die Medizin der Zukunft zu gestalten.

Das Preisgeld soll für ein Kooperationsprojekt im Bereich Deep Learning mit dem Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf genutzt werden.

Der Preisträger wird seine Arbeit im Rahmen der Akademievorlesungen zur Künstlichen Intelligenz in der Medizin im Sommer 2022 der Öffentlichkeit vorstellen.

MITGLIEDER DER JURY

Prof. Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer
Präsident der Akademie der Wissenschaften in Hamburg (Vorsitz)

Prof. Dr. Christoph Bock
CeMM Research Center for Molecular Medicine der Österreichischen Akademie der Wissenschaften; Professor für Medizinische Informatik, Medizinische Universität Wien

Prof. Dr. Christian Gerloff
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf; Direktor der Klinik und Poliklinik für Neurologie; Mitglied der Akademie der Wissenschaften in Hamburg

Friederike Krumme-Nagel
Leiterin der Redaktion „Visite“, NDR-Fernsehen, Hamburg

Prof. Dr. Petra Ritter
Johanna Quandt-Professorin, Klinik für Neurologie mit Experimenteller Neurologie, Charité – Universitätsmedizin Berlin; Leiterin der Sektion Gehirnsimulation

Prof. Dr.-Ing. habil. Kerstin Thurow
Institut für Automatisierungstechnik, Universität Rostock; Geschäftsführende Direktorin des „Center for Life Science Automation“; Mitglied der Akademie der Wissenschaften in Hamburg

Prof. Dr. Jianwei Zhang
Fachbereich Informatik, Universität Hamburg; Direktor der Arbeitsgruppe „Technical Aspects of Multimodal Systems“; Mitglied der Akademie der Wissenschaften in Hamburg

DER HAMBURGER WISSENSCHAFTSPREIS: BISHERIGE THEMEN UND AUSGEZEICHNETE

2019 – Angeborene seltene Erkrankungen
 Prof. Dr. Jutta Gärtner, *Direktorin Klinik für Kinder- und Jugendmedizin, Universitätsmedizin Göttingen*

2017 – Energieeffizienz
 Prof. Dr. Xinliang Feng, *Professor für molekulare Funktionsmaterialien Fakultät Chemie und Lebensmittelchemie, Technische Universität Dresden*
 Prof. Dr. Klaus Müllen, *Direktor Max-Planck-Institut für Polymerforschung, Mainz*

2015 – Nanowissenschaften
 Prof. Dr. Dr. h. c. Prof. h. c. Roland Wiesendanger, *Leiter Institut für Nanostruktur- und Festkörperphysik (INF), Interdisziplinäres Nanowissenschafts-Centrum Hamburg, Fachbereich Physik, Universität Hamburg*

2013 – Demenzforschung
 Prof. Dr. Mathias Jucker, *Leiter Abteilung Zellbiologie Neurologischer Erkrankungen, Hertie-Institut für klinische Hirnforschung, Tübingen*

2011 – Energieforschung
 Prof. Dr. Ferdi Schüth, *Direktor Max-Planck-Institut für Kohlenforschung, Mülheim an der Ruhr*

2009 – Infektionsforschung
 Prof. Dr. Stefan Ehlers, *Zentrumsdirektor i. R. Forschungszentrum Borstel – Leibniz Lungenzentrum, Borstel*

Künstliche Intelligenz in der Medizin

VON JIANWEI ZHANG

„Künstliche Intelligenz“ (KI) und deren Teilbereich „Maschinelles Lernen“ sind nicht mehr nur Modewörter und Zukunftsmusik. Sie wurden weltweit als zentrale Quellen für bahnbrechende Anwendungen identifiziert, die unseren Alltag schon heute prägen und auch unsere Zukunft prägen werden. Insbesondere im medizinischen Bereich wird dadurch ermöglicht, aus großen Datenmengen ein neues und besseres Verständnis der Mechanismen des menschlichen Körpers sowie seiner Krankheiten zu erreichen. Auf Basis dieses erworbenen Wissens können dann therapeutische Möglichkeiten sowohl für die Diagnostik als auch für eine effiziente und zielgerichtete Behandlung aufgezeigt werden. Algorithmen und Big Data können helfen, Krankheiten zu heilen.

Ein hervorragendes Beispiel für die Anwendung von KI-basierten Technologien in der Medizin – und gleichzeitig der bedeutende Beitrag des diesjährigen Preisträgers, Prof. Dr. Dr. Fabian J. Theis – betrifft das Gebiet der Einzelzellgenomik. Herr Theis nutzt KI-Methoden wie *Deep Learning* (mehrschichtiges Lernen, eine Technologie zur Analyse großer Datenansätze), um die Geheimnisse menschlicher Zellen zu lüften: Wie interagieren die Zellen, und was hat sich geändert bei Erkrankungen auf zellulärer Ebene?

Mit der Sequenzierung der einzelnen Zelle wird dabei die Heterogenität, also die Verschiedenartigkeit einzelner Zellen, analysiert und modelliert. Nahezu alle zellulären Systeme sind heterogen, was zu spezialisierten Funktionen und verbesserten Überlebenschancen beiträgt. Ein tiefgreifendes Verständnis der Heterogenität einzelner Zellen auf allen Ebenen ist entscheidend für das Verständnis ihres Einflusses auf das Funktionieren des Organismus sowohl im gesunden als auch im kranken Zustand. Die bislang gängigen Untersuchungen, bei denen Hunderte bis Millionen von Zellen gemeinsam analysiert

werden, können das wirkliche Ausmaß der zellulären Heterogenität stark verschleiern. KI-basierte Methoden ermöglichen heute die Analyse des Zustandes der einzelnen Zelle. Dies bietet eine der dynamischsten Quellen für Big Data in der Molekularbiologie und stellt einen großen Fortschritt beim Verständnis der zellulären Heterogenität und ihrer Auswirkungen dar.

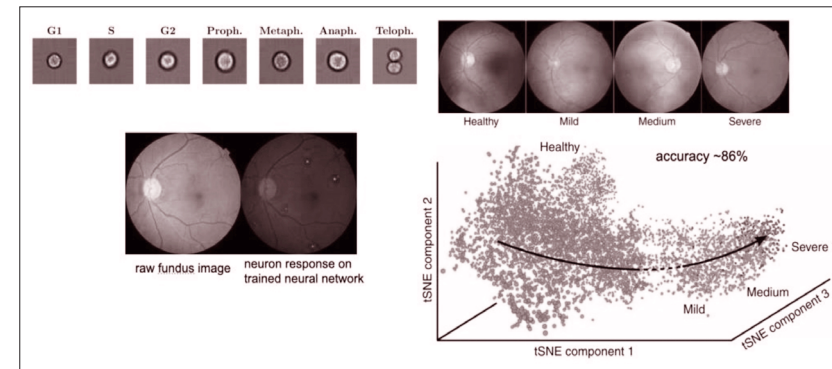
Derartige, auf KI-Technologien beruhende Methoden dienen beispielsweise als Grundlage für die ehrgeizige Initiative des weltweiten Großprojekts „Human Cell Atlas“: Dies ist eine Art *Google Maps* des menschlichen Körpers, deren Zweck es ist, die zelluläre Heterogenität in allen menschlichen Geweben quantitativ zu erfassen. Diese Referenzdatenbank wird als Schlüsselressource für viele künftige biomedizinische Studien fungieren und hat eine enorme Bedeutung für die Entwicklung der personalisierten Medizin.

Als ein Pilotprojekt zum „Human Cell Atlas“ koordiniert Fabian Theis die Zusammenarbeit beim Aufbau eines menschlichen Lungenzellatlases.

Seine Studie hat die Lungenalterung auf verschiedenen Ebenen charakterisiert und maßgeblich dazu beigetragen, Zelltypen zu identifizieren, die für die Entstehung von Asthma relevant sind. Das Konsortium des „Human Lung Cell Atlas“ beteiligt sich aktiv am aktuellen Kampf gegen die COVID-19-Pandemie. Hierfür wird untersucht, wie der Ausdruck des SARS-CoV2-Rezeptors (ACE2) und assoziierter Eiweiß spaltender Enzyme (CTSL, TMPRSS2) mit Alter, Geschlecht und Raucherstatus zusammenhängt, und welche molekularen Zelleigenschaften die Wahrscheinlichkeit einer Infektion beeinflussen.

Unter die Vielzahl von Anwendungen fällt auch die auf dem Maschinellen Lernen beruhende Erweiterung der quantitativen Modelle durch veränderliche Werte, also Variablen. Diese Erweiterung wird vor allem in der Stammzellbiologie und -therapie angewendet. Es geht insbesondere darum, wie eine Zelle Entwicklungsentscheidungen trifft. Dazu entwickelt Fabian Theis' Team rechnerbasierte Analysemethoden für mikroskopische Bilder. Mittels neuronaler Netze und *Deep Learning* war es beispielsweise möglich, vorherzusagen, wann eine Blutzelle in einem ganzen Stammbaum von Zellen sich entscheiden würde, ein rotes Blutkörperchen oder ein weißes Blutkörperchen zu werden. Diese Reihe von Arbeiten erfasst Proteindynamiken quantitativ und enträtselt die Rolle wichtiger Gene in der frühen Blutentwicklung.

Großes Potenzial birgt die KI-Anwendung auch für die klinische Diagnostik. Zum Beispiel wird in einem von Fabian Theis koordinierten, interdisziplinären Forschungsprojekt die KI-gestützte Diagnostik für Diabetische Retinopathie (DR) entwickelt. DR ist eine häufige Begleiterkrankung von Diabetes. Mit fast 415 Millionen gefährdeten Diabetikern ist es die sich am schnellsten ausbreitende Erblindungsursache weltweit. Bei frühzeitiger Diagnose kann die Krankheit behandelt werden. Wird sie jedoch zu spät erkannt, kann dies zu irreversibler Erblindung führen. In vielen Teilen der Welt fehlen medizinische Spezialisten, die die Krankheit korrekt diagnostizieren können. KI kann Ärzten dabei helfen, behandlungsbedürftige Patienten zu identifizieren, insbesondere in unterversorgten Bevölkerungsgruppen. In Zusammenarbeit mit anderen Forschungsgruppen rekonstruierte er die DR-Progression mithilfe einer datengestützten Zellsortierung, die ein einzelnes oder mehrere Parameter auf einem zwei- oder dreidimensionalen Streudiagramm misst oder vergleicht.



Rekonstruktion des Krankheitsverlaufs bei diabetischer Retinopathie, basierend auf Faltungscodierung von >50k Augenbildern. Eine niedrigdimensionale Visualisierung der Aktivierungsraumdarstellung, eingefärbt nach den Krankheitszuständen der Patienten.

Die Methodik des Maschinellen Lernens eröffnet der Medizin zukunftsweisende Möglichkeiten sowohl für Grundlagenforschung als auch für die klinische Praxis. Es ist die große Leistung von Fabian Theis, die Anwendung Künstlicher Intelligenz in mehrere Bereiche der Medizin zu übertragen und dort voranzutreiben.

Prof. Dr. Dr. Fabian J. Theis

GEBOREN 1976 IN ANSBACH

AKADEMISCHER WERDEGANG (AUSWAHL)

- SEIT 2021** Leiter des Helmholtz Munich Computational Health Centers
- SEIT 2020** Associate Faculty, Wellcome Sanger Institute, Hinxton, Großbritannien
- SEIT 2019** Adjunct Faculty, Northwestern University, Feinberg School of Medicine, Evanston, Illinois, USA
- SEIT 2013** Direktor Institute of Computational Biology, Helmholtz Munich
- SEIT 2013** W3-Professor, Fakultät für Mathematik, Technische Universität München, Lehrstuhl 'Mathematische Modellierung biologischer Systeme'
- 2007–2013** Nachwuchsgruppenleiter am Institut für Bioinformatik und Systembiologie, Helmholtz Zentrum München
- 2006–2007** Bernstein Fellow, Bernstein Center for Computational Neuroscience, Göttingen, und Max-Planck-Institut für Dynamik und Selbstorganisation, Göttingen
- 2008** Habilitation in Biophysik, Universität Regensburg
- 2003** Promotion in Informatik, Universität von Granada, Spanien
- 2002** Promotion in Physik, Universität Regensburg

WISSENSCHAFTLICHE AUSZEICHNUNGEN (AUSWAHL)

- 2020** Science4Life Venture Cup 2020 (Businessplanphase)
- 2017** Erwin-Schrödinger-Preis, interdisziplinärer Forschungspreis der Helmholtz-Gemeinschaft für herausragende wissenschaftliche Leistungen und technologische Innovationen
- 2015** m4 Award des Spitzenclusters München, Förderung für das Projekt: „KNOWING – Turning Big Data into Personalized Therapies“ durch das Bayerische Wirtschaftsministerium und das BMBF
- 2010** ERC Starting Grant „Modeling latent causes in molecular networks“
- 2006** Heinz Maier-Leibnitz-Preis der Deutschen Forschungsgemeinschaft



MITGLIEDSCHAFTEN (AUSWAHL)

- SEIT 2021** Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats des Max-Planck-Instituts für Intelligente Systeme
- SEIT 2020** Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats des Berliner Instituts für Gesundheit
- SEIT 2020** Koordinator der ELLIS-Einheit München (zusammen mit Massimo Fornasier und Daniel Cremers, Technische Universität München)
- SEIT 2019** Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats des EMBL
- SEIT 2019** Mitglied des Steering Committee des Human Lung Cell Atlas
- SEIT 2019** Mitglied des Helmholtz Munich Management Committee
- SEIT 2018** Koordinator der Munich School for Data Science
- SEIT 2017** Mitglied des Computational Steering Committee und des Data Pipeline Committee der Human Cell Atlas Initiative
- SEIT 2014** Mitglied in der International Society of Computational Biology
- SEIT 2014** Mitglied des German Stem Cell Network e. V.
- 2009–2014** Mitglied der Jungen Akademie

POLITIKBERATUNG UND UNTERNEHMERTUM

- SEIT 2021** Mitglied des wissenschaftlichen Beirats von ImmunAI Inc. in New York, USA
- SEIT 2020** Co-Vorsitzender des KI-Rats des Bayerischen Staatsministeriums für Wissenschaft und Kunst
- SEIT 2020** Start-up-Botschafter, TUMentrepreneurship, TUM ForTe, Forschung und Innovation, Technische Universität München
- 2019** Mitbegründer der Dermagnostix GmbH (Top 50 Start-ups des Jahres 2020)
- 2018–2020** Mentoring und Beratung bei Roche Pharmaceuticals GmbH
- 2018–2020** Sachverständiger des Wissenschaftsrates
- 2000** Mitbegründer der Firma Instant Solutions (webbasierte Datenbankanwendungen)

Fabian Theis ist ein Pionier für künstliche Intelligenz und maschinelles Lernen in der Biomedizin, speziell im Bereich der Einzelzellbiologie. Seine wissenschaftlichen Beiträge wurden breit rezipiert und tragen wesentlich zur Beantwortung komplexer biologischer und medizinischer Fragen bei.

Fabian Theis setzt sich stark für die Verbreitung seines Fachgebiets Computational Health und für die Nachwuchsförderung ein. So gründete er beispielsweise die Munich School of Data Science, ist Direktor der Helmholtz Artificial Intelligence Cooperation Unit „Helmholtz AI“ und Co-Direktor der ELLIS Unit München.

Darüber hinaus ist Fabian Theis ein wichtiger Akteur in internationalen Initiativen wie dem Human Cell Atlas und der Lifetime-Initiative und hat das Single Cell Omics Germany Network gegründet.

Fabian Theis leistet mit seiner Vision und seiner Arbeit wichtige Beiträge für die Forschung und die Medizin der Zukunft – für die Vorhersage und Prävention von Krankheiten und für eine gesündere Gesellschaft.

Fragen an Fabian J. Theis

VON DAGMAR PENZLIN

Künstliche Intelligenz (KI) in der Biomedizin eröffnet neue Möglichkeiten, um zu verstehen, wie der menschliche Körper funktioniert und wie Krankheiten früher entdeckt und Therapien besser geplant und durchgeführt werden können. Davon kann Fabian Theis detailliert berichten. Auch, wie er als Physiker und Mathematiker zum Pionier für KI in der biomedizinischen Forschung wurde, erzählt der 45-jährige Münchener im Interview.

SIE SIND EIN PIONIER, WENN ES DARUM GEHT, KÜNSTLICHE INTELLIGENZ BIOMEDIZINISCH ANZUWENDEN. UM DIE METHODE DER EINZELZELLSEQUENZIERUNG ZU ERKLÄREN, VERWENDEN SIE GERN DAS BILD VON EINEM SMOOTHIE, DER SICH IN SEINE ZUTATEN AUFSCHLÜSSELN LÄSST. WAS BEDEUTET DAS KONKRET MIT BLICK AUF DIE METHODE DER KI-BASISIERTEN EINZELZELLSEQUENZIERUNG?

Es handelt sich hierbei um eine moderne Methode, die es Forschern ermöglicht, einen viel tieferen Einblick in die Mechanismen des menschlichen Körpers zu bekommen. Denn Krankheiten lassen sich sehr oft auf zellulärer Basis verstehen. Die Einzelzellsequenzierung bietet uns die Möglichkeit, wirklich jede einzelne Zelle zu betrachten und nicht, wie traditionell, nur Mittelwerte über tausende von Zellen. Wir erhalten viel mehr Informationen, wenn wir einzelne Zellen, bildlich gesprochen die einzelnen Zutaten eines „Smoothies“, untersuchen, anstatt – wie traditionell – nur Mittelwerte über viele tausende Zellen zu betrachten, was dem fertigen Smoothie entsprechen würde.

Dass wir alle aus einer einzelnen befruchteten Eizelle stammen und dann all diese verschiedenen Zelltypen haben, die im Grunde das gleiche Programm besitzen und doch etwas Anderes machen – das fasziniert mich extrem. Früher konnte man einfach noch nicht alles beobachten: Wir haben beispielsweise viele Zellen von einem Tumor genommen oder von gesundem Gewebe, wie etwa die Beta-Zellen der Bauchspeicheldrüse, um dann mRNA oder etwas Anderes zu extrahieren. So hat man versucht, herauszubekommen, wie die Gene in diesem Gewebe aktiv sind. Heutzutage können wir präziser sehen, wie die verschiedenen Zellen jeweils aktiv sind. Das ist ein

enormer Unterschied. Das ist so, als würde ich das mittlere Verhalten einer Population von Leuten nehmen, die von A nach B gehen. Oder ich betrachte eben den Einzelnen, der durch die Gegend geht. Der eine geht schneller, der andere ist älter und geht deswegen nicht so flott. Die andere hat ein Kind dabei und ist deshalb langsamer. Wenn ich solche zusätzlichen Informationen habe, dann kann ich das System besser beschreiben.

Bei Helmholtz Munich interessiert uns zum Beispiel, warum bei Diabetes Beta-Zellen kaputtgehen – das sind die Zellen, die in der Bauchspeicheldrüse das blutzuckersenkende Insulin produzieren und ins Blut ausschütten. Wenn die nicht mehr richtig funktionieren, sieht man, dass da eine Dedifferenzierung stattfindet. Die Zellen gehen in ein Stadium zurück, wo sie nicht mehr voll funktional sind. Schaut man alle Beta-Zellen an, fällt einem das nicht so auf. Bei der Einzelzellsequenzierung kann man erkunden, welche Prozesse in jeder einzelnen Zelle ablaufen. Auch bei Krebs wird diese Methode angewendet. Man weiß nun, dass es nur wenige Zellen sind, die entscheidend sind. Die findet man gar nicht, wenn man nur auf Mittelwerte schaut. Und weil wir heute die einzelnen Zellen quantitativ beschreiben können, entstehen so viele Daten – echte Big Data –, für die wir KI-basierte Methoden brauchen, um diese analysieren zu können.

WIE HABEN SIE IHRE METHODEN GEFUNDEN UND ENTWICKELT?

Vieles von dem, was in der molekularen biomedizinischen Forschung passiert ist, ist durch die Entwicklung innerhalb der Biotechnologie getrieben. Viele Fortschritte durch Miniaturisierung der Prozesse erlauben es, dass man mit weniger Material arbeiten kann. Die schneller als nach Moore's Law erfolgende Beschleunigung von Sequenzieretechniken hat dazu geführt, dass man viel billiger große Sequenzierungen machen kann.

Wir sind im postgenomischen Zeitalter, wenn man so will: Das Humangenom-Projekt vor 20 Jahren – das war ein großes Ding, das lange gedauert hat und sehr teuer gewesen ist. Heutzutage geht das wesentlich kostengünstiger. Jetzt kann man riesige Mengen sequenzieren, wodurch wir die großen Datenmengen überhaupt erzeugen.

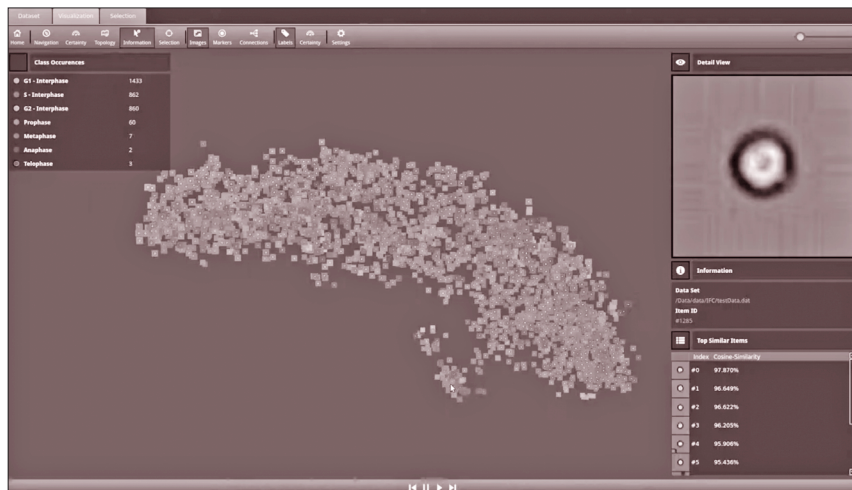
Ich habe mich schon seit meiner Doktorarbeit für Machine Learning-Methoden auch in der Anwendung interessiert. Zu dem Thema Einzelzellbiologie bin ich insbesondere durch ein interdisziplinäres Forschungsprojekt gekommen, für das wir als Team vor vier Jahren schließlich mit dem Erwin-Schrödinger-Preis ausgezeichnet worden sind. Ich selbst habe kein biologisches Labor. Das heißt, ich arbeite mit experimentellen Kooperationspartnern zusammen. Damals habe ich mit Timm Schroeder zusammengearbeitet, einem Biologen, der an der ETH Zürich tätig ist. Er hat Zellen beobachtet, in Videos von Mikroskopen. Die Basis von zellulärer Biologie ist natürlich das Mikroskopieren. Da erfährt man aber nicht so viel über die Zelle. Was wir dann eben machen konnten, ist die Kombination von Mikroskopie und Sequenzieretechniken. Da konnten wir dann zeigen, was aktiv an Prozessen abläuft, weil wir die Zellen einfach zerlegt haben.

Das sind Methoden, die seit zehn Jahren entwickelt werden. Wir waren eines der ersten Forscherteams, die daraus Analysen erstellt haben. Insgesamt arbeiten natürlich viele in diesem doch sehr aktuellen Gebiet – wir hatten das Glück, ganz früh vorn dabei zu sein.



IHRE ARBEIT IST AUF DEM FELDE VON BIG DATA ANGESIEDELT – RIESIGE DATENMENGEN SIND ZU ANALYSIEREN. WAS BRAUCHEN SIE AN TECHNISCHER AUSSTATTUNG, UM GUT ARBEITEN ZU KÖNNEN?

Bei uns sieht es in den Büros erst mal ganz unspektakulär aus: Wir haben unsere Laptops, an denen wir dort arbeiten. Es gibt natürlich außerdem eigene Server-Farmen, und bei unseren Kooperationspartnern stehen Geräte wie etwa die Sequenziermaschinen. Um große Datenmengen zu bearbeiten, benötigen wir viel Computer-Rechenpower. Insbesondere die Rechenleistung von Grafikkarten ist entscheidend, die sich in der letzten Zeit wesentlich weiterentwickelt hat. Das ist ja auch der Grund, warum Machine Learning gerade so wichtig geworden ist. Auch, dass es Algorithmen-Fortschritte und eine bessere Bewältigung der großen Datenmengen gibt. All das kam in den letzten fünf Jahren zusammen, und wir versuchen es zu nutzen.



Eine Arbeit von Fabian Theis zur Modellierung von biologischen Abläufen auf Basis von Einzelzell-Analysen

IHRE GRUNDLAGENFORSCHUNG ERÖFFNET BEREITS NEUE MÖGLICHKEITEN IN DER KLINISCHEN ANWENDUNG – ZUM BEISPIEL BEI DER BEHANDLUNG VON DIABETISCHER RETINOPATHIE UND VON HAUTKRANKHEITEN. INWIEFERN FORSCHEN SIE GEZIELT IN DIESE RICHTUNG – ODER SIND DIE ERKENNTNISSE FÜR KONKRETE ANWENDUNGEN IN DER MEDIZIN MEHR NEBENPRODUKTE?

Ich freue mich immer sehr über klare Anwendungen – oft sind aber auch Industriepartner für die Umsetzung notwendig. Insgesamt halte ich es für sehr wichtig, die Grundlagenforschung nach vorne zu stellen, weil nur so wirklich neue Anwendungen entstehen. Daher nimmt die Grundlagenforschung rund 80 Prozent meiner Arbeitszeit in Anspruch.

SIE ARBEITEN MIT AM INTERNATIONALEN PROJEKT HUMAN CELL ATLAS. IHR TEAM WIDMET SICH DEM ZELLATLAS FÜR DIE LUNGE. WIE GEHEN SIE HIER MIT DER EINZELZELLESEQUENZIERUNG VOR?

Der menschliche Zellatlas ist erstmal eine ganz große Vision, um Zelltypen noch viel genauer zu verstehen. Die Muster, die jede Zelle zeigt, finden wir durch Clustering von Aktivitäten der jeweiligen Zelle. Dadurch entdecken wir viel mehr Zelltypen als bisher angenommen. Der Human Cell Atlas steht in der geistigen Nachfolge des humanen Genom-Projekts. Ich engagiere mich in der Analysis Working Group und habe dort methodische Beiträge erstellt. Daneben leitet mein Team die integrative Analyse des Zellatlas der Lunge.

INWIEFERN KONNTEN SIE SO 2020 AUCH IN DIE FORSCHUNG ZU SARS-COV-2 EINSTEIGEN?

Wir haben uns dazu entschlossen, auch als Nicht-Virologen zu diesem Gebiet beizutragen, da wir diese Sammlung an Expositionsdaten zur menschlichen Lunge hatten – mit sehr vielen verschiedenen Probanden. Als Erstes haben wir untersucht, wo die Eintrittsgene für SARS-CoV-2 aktiv sind, also wo sich die Viren andocken können. Da haben wir gesehen, dass sie nur an bestimmten Stellen aktiv sind – nicht nur in bestimmten Teilen der Lunge, sondern interessanterweise auch am Riechkolben und im Gehirn. Es stellte sich dabei heraus, dass sie etwa bei Männern aktiver sind als bei Frauen, bei älteren Menschen aktiver als bei jüngeren. Auch bei Rauchern ist eine stärkere Aktivität zu erkennen.

SIE STAMMEN AUS EINEM MEDIZINERHAUSHALT, IHRE GESCHWISTER SIND EBENFALLS IN MEDIZINISCHEN BERUFEN GELANDET. SIE SELBST WAREN, WIE SIE SELBST IN EINEM INTERVIEW ANMERKTEN, EIN WENIG DAS „SCHWARZE SCHAF IN DER FAMILIE“ WEGEN IHRER BEGEISTERUNG FÜR MATHEMATIK UND COMPUTERTECHNIK. INWIEFERN SIND SIE DURCH IHRE FORSCHUNGEN AUF DEM GEBIET DER BIOINFORMATIK UND BIOMATHEMATIK WIEDER ZU IHREN FAMILIÄREN WURZELN ZURÜCKGEKEHRT?

Bis zur Masterarbeit und auch noch in der frühen Promotionsphase habe ich mich noch allgemein mehr mit methodischen Fragestellungen befasst. Langsam kamen dann konkrete Anwendungsfragestellungen dazu: Mein Augenmerk lag dann etwa auf biometrischen Daten und Molekulardaten. Ich glaube, am Anfang habe ich nur eine gute intellektuelle Spielweise gesucht, wo ich mit meinen Methoden etwas Neues rausfinden kann, was noch nicht klar war. Ich kann daher nicht im Rückblick sagen: ‚Hey, ich habe etwas gesucht, womit ich der Menschheit helfe!‘ Das war es nicht. Ich wollte etwas tun, was mir Spaß macht.

In der Physik haben wir diese wunderbaren Gleichungen, mit denen wir eine Menge vorhersagen können. Gewebe, ein Mensch oder ein Ökosystem – das sind hingegen so komplexe Systeme, für die wir keine Gleichungen haben! Das heißt: Machine Learning und Big-Data-Anwendungen sind ganz grundlegend und zentral, um in diesen Systemen Vorhersagen und vielleicht auch Theorien zu entwickeln. Man kommt da anders nicht weiter, weil es nicht so klare Grundgesetze gibt. Durch die technische Entwicklung kamen da immer größere und komplexere Datensätze – das hat mich fasziniert. 2007 habe ich mich dann letztlich entschieden, Data Scientist zu werden. Das war zu der Zeit noch gar nicht so populär wie heute. Ich arbeite als Computational Biologist jetzt an der Schnittstelle von Analyse, Datenmodellierung und Fachexpertise, also sehr interdisziplinär.

WAS BEDEUTET IHNEN DIE AUSZEICHNUNG MIT DEM HAMBURGER WISSENSCHAFTSPREIS 2021?

Ich freue mich, dass es wahrgenommen wird, was wir machen. Das ist ein positives Feedback für mein Team und mich.



Fabian Theis und sein Team

Laudatio auf Fabian J. Theis

VON CHRISTOPH BOCK

Einleitung

Der Hamburger Wissenschaftspreis 2021 geht nach München? Das lässt aufhorchen, gibt es doch im Norden hervorragende Wissenschaft und durchaus preiswürdige Kandidatinnen und Kandidaten. Die Jury kann sich nichts vorwerfen lassen, wie ich aus eigener Anschauung und Mitwirkung bezeugen kann. Unter der erfahrenen Leitung von Herrn Professor Kreuzer wurden Unterlagen gewälzt, es wurde ausführlich diskutiert, und wir haben aufmerksam den Vorträgen der vielversprechendsten Kandidatinnen und Kandidaten gelauscht. Kurz gesagt, es wurde aufs Sorgfältigste ausgewählt, evaluiert und verglichen. Die Diagnose ist damit klar, es muss am Kandidaten selbst liegen! Fabian Theis ist ein Superstar in seinem Feld und ein Aushängeschild der deutschen Forschung insgesamt. Ich gratuliere Dir, Fabian, zum Hamburger Wissenschaftspreis 2021!

Der Preis

Der Hamburger Wissenschaftspreis hat in den vergangenen Jahren wichtige wissenschaftliche und gesellschaftliche Trends aufgegriffen. Mit dem Fokus auf Infektionsforschung (2009), Energieforschung (2011) und Energieeffizienz (2017) hat er Themen antizipiert, die uns aktuell doch sehr beschäftigen. Die diesjährige Ausschreibung widmet sich dem Thema „Künstliche Intelligenz in der Medizin“. Sie verknüpft zwei Bereiche, die ganz wesentlich bestimmen, wie wir im einundzwanzigsten Jahrhundert leben und sterben. Molekular betrachtet: Werden wir den Code des Lebens lesen und vielleicht sogar schreiben lernen? Können wir das Versprechen des „Human Genome Project“ einlösen und zielgerichtete Therapien für eine Vielzahl von Krankheiten entwickeln? Und auf einer ganz anderen Ebene: Können uns „intelligente“ Roboter in der Pflege entlasten und ein Altern in Würde ermöglichen, zu Hause in den vertrauten vier Wänden? Und was bedeutet es für jeden Einzelnen und für die Medizin insgesamt, wenn ärztliche Betreuung mehr und mehr virtuell durchgeführt wird? Fragen wie diese liegen dem Hamburger Wissenschaftspreis in diesem Jahr zugrunde.

Vorstellung des Preisträgers

Unser Preisträger Fabian Theis bringt jedenfalls die Erfahrung mit, sich solchen Themen mit mathematischer Akribie zu nähern. Er studierte Mathematik und Physik an der Universität Regensburg und promovierte sowohl in Physik (2002) als auch in Informatik (2003). Schnell folgten erste eigenständige Erfolge, unter anderem ein Heinz Maier-Leibnitz-Preis der Deutschen Forschungsgemeinschaft und ein ERC Starting Grant des Europäischen Forschungsrats. Seit 2007 ist Fabian am Helmholtz Zentrum München tätig, anfangs als Leiter einer Nachwuchsgruppe und seit 2013 als Direktor des Institute of Computational Biology und parallel als Professor für „Mathematische Modellierung biologischer Systeme“ an der Technischen Universität München. Sein Institut ist eines der großen Zentren bioinformatischer Forschung in Deutschland. Außerdem engagiert sich Fabian sehr im Bereich Artificial Intelligence (AI), unter anderem als wissenschaftlicher Direktor der Helmholtz AI-Initiative, die eine breite und qualitativ hochwertige Nutzung und Weiterentwicklung von AI-Technologien zum Ziel hat; und er ist ein Fellow und Site Coordinator im European Laboratory for Learning and Intelligent Systems – der ELLIS-Initiative für methodologisch anspruchsvolle AI-Forschung in Europa.

Besondere wissenschaftliche Leistungen

International hat sich Fabian in den letzten Jahren besonders im Bereich der Einzelzell-Analysen einen Namen gemacht – einem der spannendsten und dynamischsten Gebiete der biomedizinischen Forschung. Dank diverser technischer Durchbrüche können wir mittlerweile Gewebeproben und ganze Organe analysieren, indem wir sie in einzelne Zellen zerlegen und die RNA der jeweils aktiven Gene sequenzieren. Anschließend beginnt ein Puzzlespiel, in dem Fabian ein wahrer Meister ist. Erst einmal müssen aus Millionen von RNA-Sequenzen die individuellen Porträts aller analysierten Zellen rekonstruiert werden. Und anschließend müssen wir viele Tausend Zellen in ihrem biologischen Kontext verstehen und miteinander in Zusammenhang bringen. Wenn bei diesen Einzelzell-Analysen alles funktioniert (was durchaus nicht trivial ist), dann öffnen sich fast unbegrenzte Möglichkeiten. Man könnte sogar sagen, dass wir nach dem 19. Jahrhundert ein zweites goldenes Zeitalter der Anatomie und Pathologie erleben – mit der Einzelzell-Analyse als unserem „Mikroskop“ und mit Bioinformatik und AI-Methoden als zentra-

len Werkzeugen. Der Human Cell Atlas hat sich nichts Geringeres zum Ziel gesetzt, als eine umfassende Kartierung aller menschlichen Zellen im Hinblick auf ein besseres Verständnis unseres Körpers und einer gezielten Diagnose und Behandlung seiner Krankheiten. Fabian ist in diesem weltweiten Netzwerk von über tausend Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler prominent vertreten, zum Beispiel als Mitglied der „Analysis Working Group“ des Human Cell Atlas und als einer der aktivsten Vernetzer und Antreiber auf dem Weg zu verlässlichen Einzelzell-Karten unserer Organe und Krankheiten.

Mit seinen methodischen Arbeiten hat Fabian wichtige Grundlagen für die Analyse von Einzelzell-Daten gelegt. Ich möchte drei Beispiele herausgreifen. Erstens hat er Ansätze entwickelt, mit denen sich Zellen aus derselben Gewebeprobe in einen quasi zeitlichen Ablauf integrieren lassen. Denn viele

biologische Prozesse geschehen im Zeitverlauf, während wir gerade bei Menschen oft nur jenen Zeitpunkt analysieren können, wenn zum Beispiel ein Tumor operativ entfernt wird. Mit AI-Methoden lassen sich diese Zusammenhänge zumindest im Computer herstellen und dann gezielt im Experiment validieren. Zweitens hat Fabian Methoden entwickelt, mit denen sich die recht skizzenhaften Zell-Porträts aus der Einzelzell-Sequenzierung akkurat vervollständigen und mit bestehenden Karten unseres Körpers in Beziehung setzen lassen. Drittens hat er eine Methode entwickelt, um Veränderungen (Perturbationen) im Computer übereinanderzulegen und sozusagen mit Zellen zu rechnen. Diesen Ansatz finde ich besonders spannend, weil sich daraus vielfältige Möglichkeiten für eine gezielte Programmierung von Zellen ergeben – ein Thema, das mein Labor in Wien sehr beschäftigt.

Fabian engagiert sich auch sehr für die Anwendung seiner Methoden. Mit seiner *scanpy*-Software hat seine Arbeitsgruppe eines der beliebtesten Tools für die Analyse von Einzelzell-Daten erstellt. Diese Software hat es in drei Jahren auf mehr als 1300 Zitationen gebracht – die Hälfte davon allein in



Titel des Journals „Nature Biotechnology“ mit einer Arbeit von Fabian Theis zur Modellierung von biologischen Abläufen auf Basis von Einzelzell-Analysen

diesem Jahr! Außerdem hat er wesentlich dazu beigetragen, dass im letzten Jahr unter dem Eindruck der COVID-19 Pandemie in sehr kurzer Zeit Einzelzell-Daten aus diversen Laboren und Studien kombiniert und gemeinsam analysiert werden konnten. Dadurch ist ein umfassendes Bild entstanden, welche Zellen in unserem Körper, insbesondere in der Lunge, von SARS-CoV-2 angegriffen werden können und welche Auswirkungen dies hat.

Persönliches

Während der Pandemie hat US-Präsident Biden ja bekanntlich seinen Wahlkampf aus dem Keller seines Hauses in Delaware geführt. Bei Fabian war es ein Home-Office in München, von wo aus er eine Vielzahl von Initiativen koordiniert hat – in einer nicht enden wollenden Serie von Videokonferenzen mit Kooperationspartnern in aller Welt. Das ist nicht spurlos an ihm vorbeigegangen, wie Fabian auf seinem Twitter-Account eindrücklich dokumentiert hat. Überhaupt kann man eine Menge lernen, wenn man Fabian auf Twitter folgt – zum Beispiel das Konzept des „partial parental leave“, dem sich Fabian in diesem Jahr anlässlich der Geburt seines vierten Kindes gewidmet hat –, allerdings ohne dass seine Präsenz auf Twitter und in den hochklassigen Journals unseres Feldes nachgelassen hätte. Also quasi ein Sabbatical zu Hause, was in Pandemiezeiten durchaus zukunftsweisend erscheint.



Tweet von Fabian Theis im ersten Lockdown (mit freundlicher Unterstützung einer AI-basierten Methode zur Simulation von Alterung).

Ausblick

Eine Besonderheit des Hamburger Wissenschaftspreises ist die Unterstützung eines konkreten Projekts des Preisträgers mit einem Fördervolumen von 100.000 Euro. Fabian wird uns seine Pläne gleich noch persönlich vorstellen. Vielleicht darf ich schon vorwegnehmen, dass er hiermit den Bogen von München nach Hamburg spannt – konkret zum Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, mit dem er in der AI-Forschung zu Krankheitsverläufen kooperieren wird. Wir können optimistisch sein, dass Fabians Forschungen in Zukunft zu präziseren Diagnosen und besseren Therapien beitragen werden. Ich danke und gratuliere zu herausragenden Leistungen und einem mehr als verdienten Hamburger Wissenschaftspreis 2021!

Danksagung des Preisträgers

VON FABIAN J. THEIS

Die Medizin der Zukunft wird digital, datenbasiert und damit personalisiert werden. Die Größe und Komplexität der generierten Daten braucht Methoden aus den Datenwissenschaften, insbesondere des Maschinellen Lernens, um neue Strukturen zu finden und robuste Vorhersagen zu entwickeln. Dieser Entwicklung trägt die Akademie der Wissenschaften in Hamburg mit der Ausschreibung des Hamburger Wissenschaftspreises 2021 zum Thema „Künstliche Intelligenz in der Medizin“ Rechnung. Damit unterstützt sie aber nicht nur die Medizin, sondern lenkt Aufmerksamkeit auf die gesellschaftliche Bedeutung von Forschung und Entwicklung in den Datenwissenschaften insgesamt, und speziell auf die Verbindung von Grundlagenforschung und medizinischer Anwendung entsprechender Methoden.

Ich freue mich, die ausgeschriebenen Mittel des Preises dafür einzusetzen, Deep Representation Learning Methoden aus der Einzelzellbiologie auf Patiententrajektorien anzupassen und gemeinsam mit Hamburger Kollegen zu evaluieren.

Die Auszeichnung mit dem Hamburger Wissenschaftspreis 2021 nehme ich stellvertretend für ein ganzes Team entgegen, und so möchte ich zahlreichen Menschen – Kollegen, Freunden und Mitarbeitern – danken.

Zuallererst danke ich meiner Forschungsgruppe. Eure kreativen Ideen und Euer Einsatz ist die zentrale Grundlage unseres wissenschaftlichen Erfolges, und ich freue mich jeden Tag über die offene, dynamische und superspannende Zusammenarbeit.

Ich danke meinen Lehrern und Mentoren, die mich auf meinem wissenschaftlichen Weg angeleitet, unterstützt und begleitet haben. Hierzu zählen meine Doktorväter Prof. Elmar Lang (Uni Regensburg) und Prof. Carlos Puntonet (Uni Granada), Prof. Theo Geisel (MPI Göttingen) als Postdoc-Betreuer sowie Prof. Werner Mewes (Helmholtz Munich) und Prof. Rudi Balling (Uni Luxembourg) als Gruppenmentoren. Ich durfte so viel von Euch lernen, insbesondere aber, dass für eine erfolgreiche Forschung nicht nur gute Wissenschaft wichtig ist, sondern auch entsprechende Organisation und Kultur.

Ich danke meinen Kollegen bei Helmholtz Munich und der TU München für die kollegiale und konstruktive Zusammenarbeit, die mir immer viel Freude bereitet. Mein besonderer Dank geht an Prof. Matthias Tschöp, Dr. Martina Hansen und Prof. Günther Wess für die Organisation des Zentrums, sowie Prof. Heiko Lickert und Dr. Herbert Schiller exemplarisch für die gemeinsamen Projekte in der Einzelzellbiologie und tollen experimentell-theoretischen Zusammenarbeiten. Namentlich erwähnen möchte ich Dr. Anna Sacher, Sabine Kunz und Dr. Christoph Feest, die mich mit ihren Teams bei der Organisation meiner verschiedenen Aufgaben so hervorragend unterstützen. Darüber hinaus danke ich Dr. Andreas Kosmider, Dr. Juliane Kampe und Prof. Otmar Wiestler (Helmholtz Gemeinschaft), insbesondere für die Zusammenarbeit in der Helmholtz AI Plattform. Schließlich bin ich meinen nationalen und internationalen Kollegen herzlich dankbar für tolle und spannende gemeinsame Projekte. Für die finanzielle Unterstützung meiner Forschungsarbeiten bedanke ich mich bei den Funding Agencies, insbesondere dem BMBF, der DFG, der HGF, der Chan Zuckerberg Initiative, dem Land Bayern und dem ERC.

Ich danke Prof. Frank Ückert, Prof. Stefan Bonn und Dr. Karin Kloiber (Uniklinikum Hamburg) für die Nominierung, den Jurymitgliedern, die meine Forschungsarbeiten für diesen Preis ausgewählt haben, sowie Prof. Christoph Bock (CeMM & MedUni Wien) für die bezaubernde Laudatio.

Ich danke der Hamburgischen Stiftung für Wissenschaften, Entwicklung und Kultur Helmut und Hannelore Greve, die diesen höchstdotierten Preis einer Wissenschaftsakademie in Deutschland so großzügig ausgestattet hat. Die Stifter fördern damit in beeindruckender Weise seit 2009 „hervorragende Forschungsleistung“ zu einem Thema mit „größter wissenschaftlicher und gesellschaftlicher Bedeutung“. Der Preis ehrt mich sehr, nicht zuletzt, weil er es mir ermöglicht, meinen Teil zur Medizin der Zukunft beitragen zu können.

Am Ende danke ich ganz besonders meiner Ehefrau Michaela sowie meinen Kindern und der ganzen Familie, die mir stets Unterstützung, Inspiration und Rückhalt, aber auch die Freiheit geben, mein eigenes Ding zu machen.

Die Akademie der Wissenschaften in Hamburg

Der Akademie der Wissenschaften in Hamburg, die im Jahr 2004 von der Hamburgischen Bürgerschaft als Körperschaft des öffentlichen Rechts gegründet wurde, gehören herausragende Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus Norddeutschland an. Sie fördert die Zusammenarbeit zwischen den Fächern, den Hochschulen und wissenschaftlichen Institutionen in der Region und dem baltischen Raum. Mit vielfältigen Veranstaltungen setzt sie Impulse für einen offenen Dialog zwischen Wissenschaft und Öffentlichkeit und trägt zur Politikberatung bei. Die Akademie der Wissenschaften in Hamburg ist Gründungsmitglied des Hamburg Institute for Advanced Study (HIAS).

Im Unterschied zu anderen Wissenschaftsakademien ist sie in Arbeitsgruppen und nicht in Klassen, die wissenschaftlichen Disziplinen entsprechen, organisiert. Ihre Mitglieder bearbeiten interdisziplinäre Forschungsvorhaben, die sich mit gesellschaftlich bedeutenden Zukunftsfragen und wissenschaftlichen Grundlagenproblemen befassen, wie zum Beispiel Friedens-, Infektions-, Klima- oder Netzwerkforschung, Methodische Standards, Quantenphysik und Gravitation sowie Wasserstofftechnologie. Neben der Erarbeitung von Stellungnahmen, die Eingang in die Politikberatung finden, organisieren sie Veranstaltungen, um den Dialog zwischen Wissenschaft und Gesellschaft zu intensivieren.

Die Akademie betreut gegenwärtig fünf Langzeitforschungsprojekte im Akademienprogramm, das von der Union der deutschen Akademien der Wissenschaften koordiniert wird. In der Akademienunion sind acht Wissenschaftsakademien in Deutschland zusammengeschlossen, deren jüngstes Mitglied die Akademie der Wissenschaften in Hamburg ist.

Die Grundausrüstung der Akademie wird finanziert aus Mitteln der Freien und Hansestadt Hamburg. Die Anfangsfinanzierung der Akademie bis 2007 ermöglichten Zuwendungen der Hamburgischen Stiftung für Wissenschaften, Entwicklung und Kultur Helmut und Hannelore Greve, die auch das Preisgeld für die zweijährliche Verleihung des Hamburger Wissenschaftspreises zur Verfügung stellt. Ergänzt wird die Finanzierung der Akademie durch die Einwerbung von Drittmitteln, besonders aus dem Akademienprogramm.



IMPRESSUM

Herausgeberin

Akademie der Wissenschaften in Hamburg

Prof. Dr.-Ing. habil. Prof. E. h. Edwin J. Kreuzer (verantwortlich)

Redaktion: Dr. Elke Senne

Grafische Gestaltung: Hubert Eckl, KommunikationsDesign | Hamburg

Druck: Druckerei Weidmann | Hamburg

Kontakt

Edmund-Siemers-Allee 1

20146 Hamburg

Telefon: +49 40 42948669-0

Fax: +49 40 42948669-25

E-Mail: sekretariat@awhamburg.de

www.awhamburg.de

Abbildungsnachweise

S. 3: Hamburgische Stiftung für Wissenschaften, Entwicklung und Kultur Helmut und Hannelore Greve (2 x)

S. 11: ICB/TheisLab (<https://doi.org/10.1038/s41467-017-00623-3>)

S. 13: links: Astrid Eckert/TUM; rechts: Hubert Eckl

S. 17: Astrid Eckert/TUM

S. 18: ICB/TheisLab

S. 21: Privat

S. 24: nature biotechnology, December 2020, Vol. 38, No. 12 (Cover), nature.com/nbt

S. 25: Fabian Theis, 27.03.2020, https://twitter.com/fabian_theis/status/1243416391325069312

S. 27: AdWHH/Schneehage/Berchthold

Die Akademie der Wissenschaften in Hamburg dankt Herrn Hubert Eckl, Filmbrothers GmbH, und Herrn Robert Poerschke, Sunray Music GmbH, für die filmische, grafische und technische Gestaltung der Preisverleihung.