

## 10. Danksagung

Zuerst danke ich Prof. Dr. Dr. Joachim Klose recht herzlich für die Entwicklung der 2-DE-Methode. Diese Methode, ohne die es die heutige Proteomforschung in der jetzigen Form nicht gäbe, hat mir die Möglichkeit eröffnet, in seiner Arbeitsgruppe einen Einblick in die „Proteomwelt“ zu erhalten. Darüber hinaus danke ich ihm für die ausgiebigen und interessanten Diskussionen.

Ebenso gilt mein Dank Prof. Dr. Hans Lehrach, in dessen Abteilung ich arbeiten durfte. Hier möchte ich mich besonders für die Bereitstellung eines optimalen Umfeldes für große Genom- und Proteomforschung bedanken.

Als nächstes möchte ich mich bei Prof. Dr. Ferdinand Hucho bedanken, dass er die Aufgabe als Gutachter übernommen hat, obwohl ich nicht in seiner Arbeitsgruppe tätig war.

Ebenfalls danke ich Dr. Edi Nordhoff, Dr. Johan Gobom und Dr. Klaus-Dieter Klöppel, die meine Betreuer am Max Planck Institut für molekulare Genetik waren. Bei ihnen konnte ich sehr viel über die MALDI-MS und wissenschaftliches Arbeiten im Allgemeinen lernen.

Weiterhin gilt mein herzlicher Dank Dr. Julia Kehr und Dr. Christina Walz, mit denen ich das interessante Phloemprojekt durchführen durfte. Dank ihrer sind die Pflanzen im Rahmen dieser Arbeit niemals ins Hintertreffen geraten.

Ebenso möchte ich mich bei Dr. Paola Fuccini und Dr. Daniel Wilson für die noch fortdauernde und bereichernde Zusammenarbeit an dem Ribosomenprojekt bedanken.

Ein weiteres großes Dankeschön geht an Marion Herrmann, die in der 2-DE-Gruppe von Joachim Klose dafür sorgt, dass alles so läuft, wie es läuft.

Im selben Rahmen möchte ich mich auch für die technische Unterstützung von Janine Stuwe, Dorothea Theiss und Beata Lukasewska recht herzlich bedanken.

Außerdem danke ich natürlich vielfach allen Mitgliedern und ehemaligen Mitgliedern der beiden Arbeitsgruppen, in denen ich tätig sein durfte, für die gute Zusammenarbeit.

Abschließend danke ich dem Bundesministerium für Bildung und Forschung und der Max Planck Gesellschaft für die großzügige Förderung dieses Pflanzenproteomprojektes (BMBF/GABI 32P2244).