

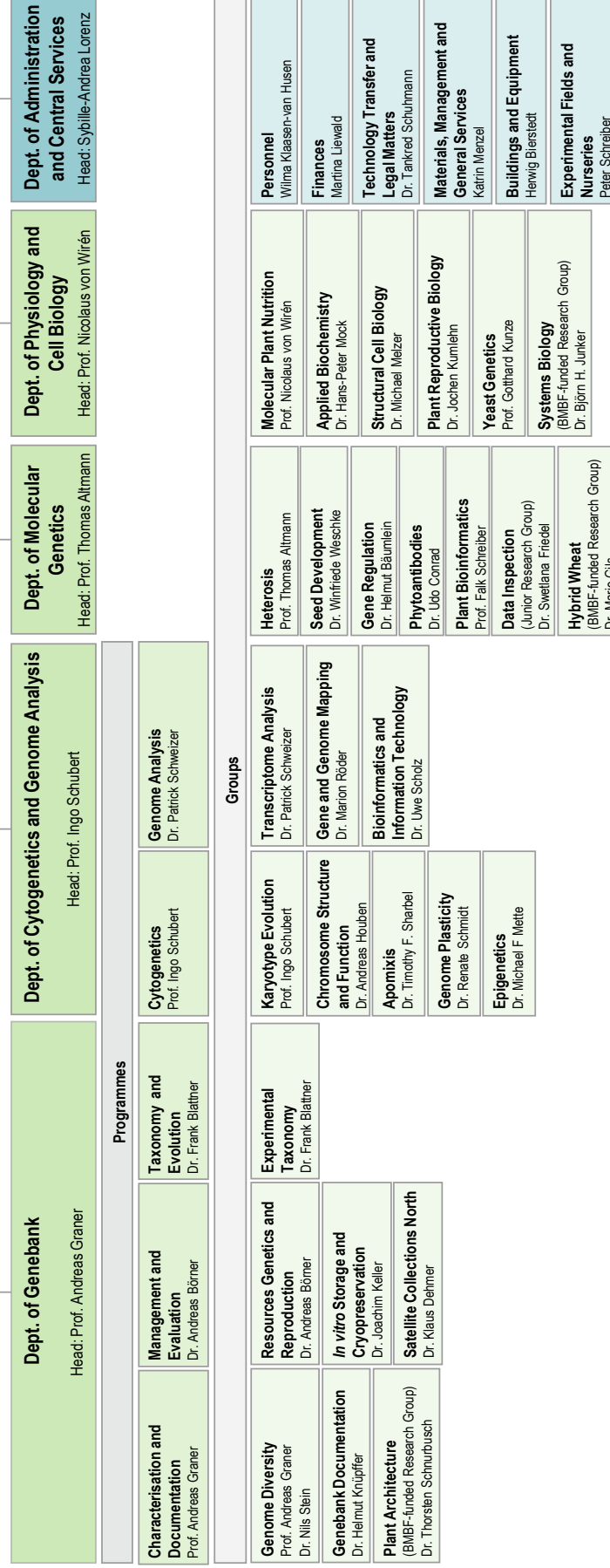
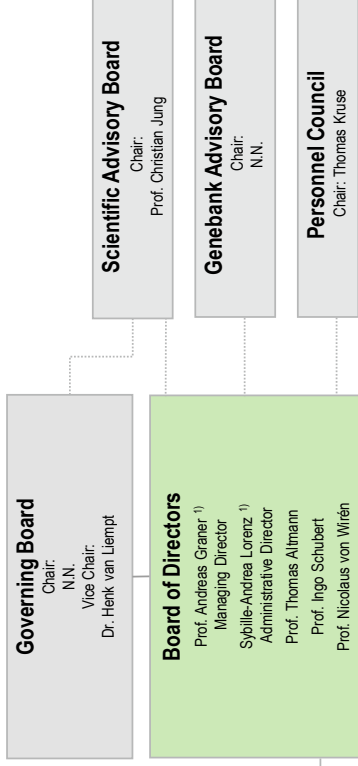
Forschungsbericht  
Scientific Report

2012/2013

# Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)

Corrensstraße 3  
D-06466 Städt Seeland/OT Gatersleben  
Germany  
Phone: +49 (0)39482 50  
Fax: +49 (0)39482 5500  
Email: [info@ipk-gatersleben.de](mailto:info@ipk-gatersleben.de)  
Internet: <http://www.ipk-gatersleben.de>

As of 1 January 2012



**Plant Genome Resources Centre (PGRC)**  
Bioinformatics  
Coordinator: Dr. Patrick Schweizer  
Coordinator: Prof. Falk Schreiber

<sup>1)</sup> Management

LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENGENETIK UND  
KULTURPFLANZENFORSCHUNG (IPK)

Forschungsbericht  
Scientific Report

2012/2013

Gatersleben, Januar 2014

Herausgeber:

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)

Corrensstraße 3

D-06466 Stadt Seeland/OT Gatersleben

Tel.: +49 (0)39482-50

Fax: +49 (0)39482-5500

Internet: <http://www.ipk-gatersleben.de>

Geschäftsführender Direktor: Prof. Dr. Andreas Graner

Administrative Leiterin: Sybille-Andrea Lorenz

Redaktion: Geschäftsstelle

Gesamtherstellung: IPK Gatersleben und KOCH-DRUCK, Halberstadt

Foto: Umschlag Vorderseite: Zellkern (S. Heckmann), Maiswurzel (M. Rosso),  
Fluoreszenzaufnahme Gerste (K. Neumann)

Umschlag Rückseite: Flugdienst Magdeburg

Inhaltsverzeichnis/Contents	Seite/Page	Inhaltsverzeichnis/Contents	Seite/Page
<b>Organigramm 2012/ Organisation of the Institute 2012</b>	U2	Vorträge/Lectures	167
<b>Vorwort/Introduction</b>	4	Eingeladene Vorträge auf internationalen Tagungen (Auswahl)/Invited Lectures at International Conferences (Selection)	167
<b>Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)/ The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)</b>	6	Weitere Vorträge/Other Lectures	171
<b>Das Institut in den Jahren 2012 und 2013/ The Institute during 2012 and 2013</b>	10	<b>Vom Institut organisierte Tagungen und Veranstaltungen/Conferences and Meetings Organised by IPK</b>	187
<b>Verwaltung und Infrastruktur/ Administration and Infrastructure</b>	18	<b>Beteiligung an der Organisation externer Veranstaltungen/Participation in Organising External Meetings</b>	189
Personal	18	<b>Ehrungen, Preise/Honours, Awards</b>	191
Programmbudget	20	<b>Arbeitsaufenthalte von Gästen im IPK/ Guest Researchers at IPK</b>	193
Drittmitteleinnahmen	20	<b>Arbeitsaufenthalte von IPK-Wissenschaftlern in anderen Einrichtungen/Stays of IPK Researchers at Other Institutions</b>	201
Technologietransfer	21	<b>Lehrtätigkeit/Teaching</b>	203
Informationen zur Infrastruktur	22	<b>Mitarbeit an wissenschaftlichen Zeitschriften/Editing Scientific Journals</b>	207
Versuchsfeld und Gärtnerei	22	<b>Tätigkeit in Gremien/Activities in Boards</b>	209
Informationstechnologie	22	<b>Öffentlichkeitsarbeit/Public Relations</b>	211
Wissenschaftliche Bibliothek	23	Informationsveranstaltungen und Führungen/ Informative Events and Guided Tours	211
<b>Forschungsberichte der Abteilungen/ Research Reports of the Departments</b>	24	Pressemitteilungen/Press Releases	220
Abteilung Genbank/Department of Genebank	24	Presse- und Medienarbeit/Contributions in Press and Media	221
Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse/ Department of Cytogenetics and Genome Analysis	56	Messen und Ausstellungen/ Fairs and Exhibitions	223
Abteilung Molekulare Genetik/ Department of Molecular Genetics	87	<b>Gremien und Mitarbeiter/-innen in speziellen Funktionen/Boards of the IPK and Employees with Special Responsibilities</b>	224
Abteilung Physiologie und Zellbiologie/ Department of Physiology and Cell Biology	121	<b>Organigramm 2013/Organisation of the Institute 2013</b>	U3
Datenbanken und Web-Informationssysteme/ Databases and Web Information Systems	151		
Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)/ Plant Genome Resources Centre (PGRC)	152		
Die Entwicklung der Bioinformatik am IPK/ The Development of Bioinformatics at IPK	154		
Das Doktorandenprogramm und die Leibniz-Graduiertenschule/The PhD Programme and the Leibniz Graduate School	155		
Das IPK Postdoc Board/The IPK Postdoc Board	158		
<b>Kolloquien und Seminare/Colloquia and Seminars</b>	161		
Gatersleben Lectures/Gatersleben Lectures	161		
Vavilov- und PGRG-Seminare/Vavilov- and PGRG-Seminars	162		
Vavilov-Vortragsabende/Vavilov Lectures	163		
Genetische Seminare/Genetics Seminars	163		
Zellbiologische Seminare/Cell Biology Seminars	165		
Waterman-Seminare/Waterman-Seminars	166		

## Vorwort

„Nichts in der Biologie ergibt einen Sinn, außer im Lichte der Evolution“. Dieses aus der Feder des russisch-amerikanischen Evolutionsbiologen Theodosius Dobzhansky stammende Zitat beschreibt ein zentrales Element unseres heutigen Biologieverständnisses. Dobzhansky's Erkenntnis stand im Zusammenhang mit zu Beginn des vergangenen Jahrhunderts gewonnenen Erkenntnissen in der quantitativen Genetik und der Populationsgenetik sowie deren Zusammenführung mit der von Charles Darwin und Russell Wallace geprägten Evolutionstheorie. Mit seinen Ergebnissen, die er im Jahr 1937 in dem Artikel „Genetics and the Origin of Species“ publizierte, setzte er einen der Eckpfeiler der synthetischen Evolutionstheorie. Seine Erkenntnisse standen im Widerspruch zu dem teleologisch geprägten Bild der Evolution des russischen Genetikers Trofim Lyssenko, welches sich als verhängnisvoller Irrweg darstellte. Es war Lyssenko's politischer Einfluss, der den großen Genetiker und Gründer der ersten Genbank in Leningrad, Nicolai Vavilov, ins Gefängnis brachte, wo er den Überlieferungen zufolge im Januar 1943 starb. Vavilov's Erkenntnisse zur Bedeutung der genetischen Vielfalt und der Notwendigkeit ihrer Erhaltung waren jedoch nicht mehr aufzuhalten. Und so wurde am 1. April 1943 in der Nähe von Wien der Grundstein für das Kaiser-Wilhelm-Institut für Kulturpflanzenforschung gelegt. Die Absicht des Gründungsdirektors, Hans Stubbe, war es, das in verbesserter Form weiterzuführen, was Vavilov zwar begonnen hatte, was jedoch aufgrund der politischen Zustände in Russland zerschlagen worden war. Die Ironie der Geschichte wollte es, dass eine der vordringlichsten Forschungsaufgaben der ersten Institutsjahre in dem mittlerweile nach Gatersleben verlegten Institut in der wissenschaftlichen Überprüfung der Thesen Lyssenko's bestand. Das Ergebnis ist bekannt, die DDR schloss sich im Gegensatz zu vielen anderen Staaten Osteuropas nicht der Lyssenko-Doktrin an.

Am 1. April 2013 feierte das IPK seinen 70. Geburtstag. Sieben Jahrzehnte Forschung unter wechselnden gesellschaftspolitischen Rahmenbedingungen, die gegensätzlicher nicht sein konnten. Die Geschichte des IPK ist eine Geschichte wissenschaftlicher Exzellenz und gleichzeitig eine Geschichte der erfolgreichen Verteidigung der Freiheit von Wissenschaft und Forschung gegen Versuche der äußeren Einflussnahme. Wer mehr über dieses Thema erfahren möchte, dem sei auf das kürzlich von Klaus Müntz und Ulrich Wobus verfasste Buch über die Instituts-geschichte zur Lektüre empfohlen.

In den vergangenen 70 Jahren hat der Mensch in bisher nie dagewesenem Umfang in die belebte und unbelebte Natur auf dem Erdball eingegriffen. Allein die Bevölkerung stieg von 2,1 Milliarden Menschen im Jahr 1943 auf 7,1 Milliarden Menschen im Jahr 2013. Neben dem gestiegenen Bedarf an Nahrungsmitteln wuchs auch die Nachfrage nach Rohstoffen und Energie. So erhöhte sich die weltweite Förderung

## Introduction



“Nothing in biology makes sense except in the light of evolution“. This quotation from the Russian/American evolutionary biologist Theodosius Dobzhansky encapsulates a central tenet of current understanding of biology. Dobzhansky's idea was based on discoveries made at the beginning of the 20<sup>th</sup> century in the fields of quantitative and population genetics, and was developed in the light of the theory of evolution propounded by Charles Darwin and Alfred Russell Wallace. Dobzhansky's major work “Genetics and the Origin of Species“, published in 1937, became a cornerstone of modern evolutionary theory. His perceptions contrasted with the teleologically influenced concept of evolution put forward by the Russian geneticist Trofim Lyssenko, which proved to be fatally flawed. However, thanks to Lyssenko's extensive political influence in the USSR, Nicolai Vavilov, the great geneticist and creator of the world's pioneering genebank in Leningrad, was arrested and is thought to have died in prison in 1943. The dissemination of Vavilov's insights regarding the significance of genetic diversity and the necessity of its preservation, could not be suppressed, however, and on April 1 1943, the Kaiser Wilhelm Institute on Cultivated Plants Research was founded, at a location close to Vienna. Hans Stubbe, the institute's founding director, was minded to continue and improve on Vavilov's scientific work, which had by then been abandoned in Russia for political reasons. It is an irony of history that one of the prime research projects pursued during the early years of the institute's existence (which in the meantime had been moved to Gatersleben) consisted of a scientific revision of Lyssenko's theories. The results of this evaluation are clear: unlike many of the other eastern European countries, the GDR never followed Lyssenko's doctrine. On April 1 2013 the IPK celebrated its 70th anniversary. Seven decades of scientific research under changing socio-political circumstances, that could not have been more contrasting. The history of the IPK is one where scientific excellence was combined with a successful defence of the conducting of science and research free of any outside influence and pressure. Further information regarding this topic is available in a recently published volume written by Klaus Müntz and Ulrich Wobus.

Over the past seventy years human intervention in both the living and non-living world has increased to an unprecedented degree. Global population has risen from 2.1 billion in 1943 to 7.1 billion in 2013. This increase has not only generated a growing need for food, but also a higher demand for raw materials and energy. Crude oil production has risen from eight million barrels per day in the 1940s to 85 million in 2005. Over the same period, the amount of energy generated from coal has tripled, and the concentration of

von Erdöl von 8 Mio. Barrel pro Tag Anfang der 1940er Jahre auf 85 Mio. Barrel im Jahr 2005. Im gleichen Zeitraum verdreifachte sich auch die Primärenergieproduktion aus Kohle. Als Folge davon stieg im gleichen Zeitraum die Konzentration verschiedener Klimagase um bis zu 63 %. Über viele Jahrzehnte entsprach der durchschnittliche Anstieg der weltweiten Getreideerträge etwa dem jährlichen Bevölkerungswachstum. Diese Erfolgsgeschichte war das Ergebnis weitreichender Verbesserungen im Pflanzenbau und Pflanzenschutz sowie einer kontinuierlichen Steigerung der Ertragsleistung durch die Pflanzenzüchtung. Doch die Weltbevölkerung und der Energiehunger wachsen weiter. Nach Angaben der FAO muss die Getreideproduktion bis zum Jahr 2050 um weitere 70 % gesteigert werden, um eine ausreichende Versorgung der Erdbevölkerung sicherzustellen. Zukünftige Ertragssteigerungen werden in vielen Regionen unseres Planeten durch den eintretenden Klimawandel erschwert werden. Experten sind sich einig, dass der züchterischen Verbesserung von Nutzpflanzen eine entscheidende Rolle bei der Lösung der Ernährungsfrage sowie bei der Produktion nachwachsender Rohstoffe und der Erzeugung erneuerbarer Energien zufällt. Weitere Ertragssteigerungen erfordern zusätzlichen Forschungs- und Entwicklungsaufwand. Mit ihren Forschungsarbeiten am IPK leisten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus über 30 Ländern wichtige Beiträge zur Bewältigung der angeführten Herausforderungen. Die zukünftige züchterische Verbesserung unserer Nutzpflanzen beruht in zunehmendem Umfang auf dem Verständnis der biologischen Prozesse, welche die pflanzliche Leistung beeinflussen. Diese reichen von der Steigerung des Ertragspotenzials über die Resistenz gegen biotische und abiotische Stressfaktoren, der effizienten Nutzung von Nährstoffen, die Verbesserung der Qualität der Ernteprodukte, bis hin zur Nutzung von Pflanzen zur Produktion von Biomolekülen und pharmazeutisch aktiven Substanzen. Die Anwendung dieser Erkenntnisse im Rahmen einer „Pflanzenbasierten Bioökonomie“ erfordert Forschungsarbeiten entlang der gesamten wissenschaftlichen Wertschöpfungskette, von der Grundlagenforschung bis hin zur Bearbeitung angewandter Themen. Hierfür bietet das IPK eine hervorragende wissenschaftlich technische Infrastruktur, die in den vergangenen Jahren weiter ausgebaut werden konnte. Die Irrlehren Lyssenko's gehören der Vergangenheit an. Heute zweifelt niemand mehr an der Bedeutung genetischer Ressourcen und der Notwendigkeit ihrer Erhaltung. Die Bundeszentrale *Ex-situ*-Genbank am IPK ist die größte Genbank innerhalb der Europäischen Union und eine der größten Genbanken weltweit. Das Ziel der Forschungsarbeiten ist es, die Potenziale der dort erhaltenen genetischen Vielfalt nutzbar zu machen. Hierzu werden vermehrt integrative Forschungsansätze genutzt, in denen modernste Verfahren im Bereich der chemischen und physikalischen Analytik, der Mikroskopie und der Phänotypisierung zum Einsatz kommen, um prädiktive Verfahren zur Nutzung der genetischen Diversität zu entwickeln. Gleichzeitig gilt es aber auch, die Möglichkeiten der Grünen Gentechnik zu nutzen. Die Grüne Gentechnik ist eine wichtige Zukunftstechnologie, die einen festen Platz im Forschungsprogramm des IPK einnimmt. Vor diesem Hintergrund wurden in den vergangenen beiden Jahren wieder eine Reihe wichtiger Forschungsergebnisse erzielt, mit vielfältigen Beiträgen zur Aufklärung grundlegender und angewandter Fragestellungen. Einzelheiten hierzu sowie eine Reihe weiterer Informationen zum Institut und den Entwicklungen der vergangenen zwei Jahre sind in dem vorliegenden Forschungsbericht zusammengestellt.

Andreas Graner  
 Geschäftsführender Direktor

greenhouse gases has risen by as much as 63 %. For many decades the year-on-year increase in the world's grain production has kept pace with population growth. This success has been achieved by a combination of improved technology with respect to agronomy and crop protection, along with genetic advance through breeding. The size of the global population and the demand for energy are still both growing. According to the FAO, between now and 2050, global grain production will have to be increased by at least 70 % to ensure an adequate supply of calories. At the same time, it is inevitable that climate change will reduce the prospects of achieving yield enhancement in many crop-growing regions of the world.

Experts agree that the genetic improvement of crop plants will play a central role in solving the joint problems of feeding the world and providing it with renewable raw materials and energy. This will require an additional effort in research and development. Through their research at the IPK, scientists from more than 30 countries have been making an important contribution to addressing these challenges. The genetic improvement of our crop plants will come to depend increasingly on achieving a deeper understanding of the biological processes affecting economic yield. These include the physiological basis of productivity, the mechanisms of resistance/tolerance to biotic and abiotic stresses, the efficiency with which nutrients are used and the basis of end-use quality. Last, but not least, consideration will need to be given to employing plants as factories for useful biomolecules and pharmacologically active compounds. Within the context of a "Plant-based Bioeconomy", research along the entire scientific value chain will be necessary, involving a research effort spanning the very basic all the way through to very applied. In all of these areas, the IPK offers an excellent scientific and technical infrastructure, which has been greatly expanded over recent years.

Lyssenko's false doctrine now is a thing of the past. Today, nobody doubts the significance of genetic resources and their preservation. The Federal *ex situ* Genebank, located in Gatersleben, is the EU's largest such institution and is among the largest in the world. Its research programme is aimed at exploiting the potential of the genetic diversity retained within the collections, using an integrated approach incorporating chemical and physical analysis, microscopy and phenotyping, to develop predictive methods for exploiting genetic diversity. Simultaneously, the potential of green genetic engineering will need to be addressed, and this key technology enjoys a central position within the IPK's research programme. Over the past two years a number of important research outcomes have been achieved; these have included a range of contributions to both basic and applied research. The present report presents these, along with some general information concerning the institute and its development over the past two years.

Andreas Graner  
 Managing Director

## Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)

### Aufgabenstellung und Finanzierung

Das IPK wurde auf der Grundlage von Vorgängereinrichtungen 1992 als eine Stiftung des öffentlichen Rechts gegründet und ist Mitglied der Leibniz-Gemeinschaft. Sein Zuwendungsbedarf wird gemäß Artikel 91 b des Grundgesetzes nach dem Finanzierungsmodell der „Blauen Liste“ zu gleichen Teilen von Bund und Sitzland (plus Länderanteile) erbracht. Zuwendungsgeber ist das Land Sachsen-Anhalt, vertreten durch den Minister für Wissenschaft und Wirtschaft.

*„Zweck der Stiftung ist die Förderung von Wissenschaft und Forschung. Ihre Aufgabe ist, grundlagen- und anwendungsorientierte Forschung auf den Gebieten der Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung zu betreiben. Ihre wissenschaftlichen Schwerpunkte liegen insbesondere auf der Erarbeitung neuer Erkenntnisse über Struktur, Funktion und Evolution des Erbmaterials, auf der Erhaltung, Erforschung und Erschließung der erblichen Vielfalt von Kulturpflanzen, ihrer Vorfahren und Verwandten sowie auf Beiträgen zur Züchtungsgenetik im Vorfeld der praktischen Pflanzenzüchtung. Ein wesentliches Anliegen der Stiftung ist die interdisziplinäre Zusammenarbeit der verschiedenen in ihr vertretenen biologischen Fachrichtungen.“* (zitiert aus der IPK-Satzung)

Mit seinen Arbeiten in der Grundlagen- und der angewandten Forschung leistet das Institut wichtige Beiträge zum Erreichen der in der nationalen Forschungsstrategie BioÖkonomie 2030 (<http://www.bmbf.de/pub/biooekonomie.pdf>) aufgeführten Ziele: Sicherung der weltweiten Ernährung, nachhaltige Gestaltung der Agrarproduktion, Produktion gesunder und sicherer Lebensmittel, industrielle Nutzung nachwachsender Rohstoffe und Ausbau von Energieträgern auf Basis von Biomasse. Die Bundeszentrale *Ex-situ*-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen stellt eine zentrale Ressource für den Erhalt, die Erforschung und Nutzbarmachung der genetischen Vielfalt dar. Eine wichtige Rolle fällt hierbei der Entwicklung und Anwendung biotechnologischer Verfahren zu.

### Stiftungsorgane, Funktionsträger und Organisationsstruktur des IPK

Organe der Stiftung sind der **Stiftungsrat**, das **Direktorium**, die **Geschäftsführung** und der **Wissenschaftliche Beirat**. Für die speziellen Belange der Genbank steht dem wissenschaftlichen Beirat der **Genbank-Beirat** zur Seite. Die personelle Zusammensetzung der Beiräte im Berichtsjahr ist in einer Übersicht auf S. 224 dargestellt. Die Übersicht führt zudem die IPK-Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter auf, die mit speziellen Funktionen innerhalb des IPK betraut waren und sind.

## The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)

### Objectives and Funding

As a successor to several prior institutions, the IPK was established in 1992 as a foundation under public law, and is a member of the Leibniz Gemeinschaft (Leibniz Society). In accordance with Article 91 b of the German constitution and the funding model of the so-called “Blue List”, it attracts equal funding from the Federal Republic of Germany and the local Federal State (plus shares of the federal states). The funding body is the State of Saxony-Anhalt, represented by its Minister for Science and the Economy.

*“The objective of the foundation is to support science and research. Its mission is to undertake both basic and applied research in the fields of plant genetics and crop plant science. Its research activities are focused mainly on gaining insights into the structure, function and evolution of plant germplasm, on preserving, exploring and exploiting the genetic diversity of crop plants along with their ancestors and wild relatives, and genetic topics relevant to pre-breeding. A key concern of the foundation is to foster interdisciplinary teamwork among the various biological disciplines involved.”* (quoted from the IPK statutes)

Through its activities in both basic and applied research, the institute is making a considerable contribution towards achieving the goals of the BioEconomy 2030 (<http://www.bmbf.de/pub/biooekonomie.pdf>) national research strategy, specifically in the areas of promoting global food security, the sustainability of agricultural production, the production of safe and healthy food, the industrial use of renewable raw materials and the expansion of bioenergy. The Federal *ex situ* agricultural and horticultural crop species genebank represents a key resource for the conservation, research and utilization of genetic diversity, while the development and application of biotechnology-based methods also play a central role.

### Administrative bodies, decision-makers and the organisational structure of the IPK

The running of the institute is overseen by a Governing board, a Board of Directors, a Managing Office and a scientific Advisory Board. The Genbank Advisory Board advises the scientific council in matters of specific concern to the genebank. The composition of the council during the reporting period is shown on p. 225, which also indicates the responsibilities of individual IPK employees.

The IPK is structured into four scientific **departments** (Genebank, Cytogenetics and Genome Analysis, Molecular Genet-



Das IPK ist in vier wissenschaftliche **Abteilungen** (Genbank, Cytogenetik und Genomanalyse, Molekulare Genetik, Physiologie und Zellbiologie) und die Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste gegliedert. Die einzelnen Abteilungen untergliedern sich wiederum in Forschungsbereiche und Arbeitsgruppen (s. Organigramm, innere Umschlagseiten). Ende 2013 waren 518 Personen aus 44 Nationen am Institut tätig. Ein erheblicher Anteil der Personal- und Forschungsmittelausstattung wird über Drittmittel eingeworben.

### Forschungskonzept

Die strategische und inhaltliche Ausrichtung der Forschungsarbeiten am Institut wird in einer jährlich aktualisierten Programmplanung festgelegt, die folgende Programme umfasst:

- 1. Management, Analyse und Evolution pflanzengenetischer Ressourcen** (Abteilung Genbank)
- 2. Cyto-molekulare Genomanalyse** (Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse)
- 3. Molekulare Entwicklungsphysiologie** (Abteilung Molekulare Genetik)
- 4. Angewandte Zellbiologie** (Abteilung Physiologie und Zellbiologie).

Die Programmthemen spiegeln in wesentlichen Zügen die sich komplementierenden zentralen Arbeitsfelder der Abteilungen wider. Durch Vernetzung der über weite Strecken disziplinär ausgerichteten Programme werden aktuelle biologische Fragestellungen in Leitprojekten abteilungs- und disziplinübergreifend bearbeitet:

- Untersuchung der Samenentwicklung und -physiologie bei Getreide, Leguminosen und Brassicaceen
- Aufklärung der evolutionären und molekulargenetischen Grundlagen der Apomixis
- Erforschung der Gameten- und Embryoentwicklung und Erzeugung haploider sowie dihaploider Nachkommen
- Untersuchung genetischer Prinzipien und molekularer Mechanismen der Heterosis
- Analyse der Resistenzmechanismen gegen pilzliche und virale Pathogene sowie abiotische Stressfaktoren
- Erforschung der molekularen und physiologischen Grundlagen der Nährstoffaufnahme und Nährstoffeffizienz
- Physische Kartierung und Sequenzierung des Gerstengenoms
- Studium der Bildung und Evolution pflanzlicher Chromosomen und ihrer Zentromerstrukturen.

Die entsprechenden Forschungsaktivitäten erstreckten sich dabei von der reinen Grundlagenforschung bis hin zu angewandten Fragestellungen im Vorfeld der Pflanzenzüchtung bzw. Biotechnologie.

ics, Physiology and Cell Biology), which are supported by the Administrative and Central Services Department. Each department comprises a number of research areas and working teams (see organizational chart on the inside front cover). As of the end of 2013, the staff numbered 518 individuals, drawn from 44 countries. A significant proportion of the staff and research costs is covered by externally sourced funding.

### Overall research concept

An annual planning exercise is used to determine and refine the institute's strategy and research programme. The programme currently comprises:

- 1 Management, analysis and evolution of plant genetic resources** (Genebank Department)
- 2 Cellular and molecular genome analysis** (Cytogenetics and Genome Analysis Department)
- 3 Molecular and developmental physiology** (Molecular Genetics Department)
- 4 Applied cell biology** (Physiology and Cell Biology Department).

The programme essentially mirrors the research mandates of the scientific departments. The predominantly discipline-oriented programmes address current biological issues in the form of pilot inter-department and inter-disciplinary projects:

- Investigating the development and physiology of the cereal grain and the legume and brassicaceous seed
- Elucidating the evolutionary and molecular basis of apomixis
- Exploring the development of gametes and embryos, and producing haploid and doubled haploid progeny
- Investigating the genetic principles and molecular mechanisms underlying heterosis
- Analysing the mechanisms of resistance against fungal and viral pathogens, and of tolerance to abiotic stress
- Investigating the molecular and physiological basis of nutrient uptake and nutrient use efficiency
- Physical mapping and sequencing of the barley genome
- Studying the development and evolution of plant chromosomes and the structure of their centromeres

The corresponding research activities include both basic and applied issues relevant to breeding and biotechnology.

Given the genebank's concentration on crop plants, its research activity is focused mainly on the leading agricultural plant species. At the same time, increasing consideration is also being given to exploiting the genetic diversity present in wild forms and wild species. Over a period of many years, the study of seed development has been focused on the legumes. Model plants such as *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana* and *Hypericum* spp. are,

Vor dem Hintergrund der in der Genbank erhaltenen Kulturpflanzenvielfalt konzentrieren sich die Forschungsarbeiten in erster Linie auf landwirtschaftlich bedeutsame Pflanzenarten. Hierbei finden in zunehmendem Umfang auch Wildformen und Wildarten zur Erschließung genetischer Variation Berücksichtigung. Spezielle Fragen zur Samenentwicklung werden seit vielen Jahren an Leguminosen untersucht. Die Bearbeitung einer Reihe grundlegender Fragestellungen erfolgt an Modellpflanzen wie *Arabidopsis thaliana*, *Nicotiana* und *Hypericum* spp.. Ergänzend hierzu werden ausgewählte Forschungsthemen zur angewandten Biotechnologie an Hefe bearbeitet.

### **Integrative Strukturen und Netzwerke**

Das IPK verfügt über abteilungsübergreifende Strukturen, welche zum einen als Plattformen für interne Dienstleistungen und wissenschaftliche Querschnittsaktivitäten dienen. Daneben ist das Institut in über die Projektförderung hinaus gehende nationale und internationale Forschungsk Kooperationen eingebunden. Diese dienen der Entwicklung und Förderung langfristiger Kooperationsprojekte, der Einwerbung von Projektmitteln und der Gewinnung von wissenschaftlichem Nachwuchs.

Das **Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)** bildet eine Dienstleistungsplattform für die DNA-Sequenzierung und die DNA-Markeranalyse (s. S. 152).

Die **IPK-Bioinformatik-Plattform** ist eine koordinative Struktur, in der alle in den verschiedenen Abteilungen angesiedelten Bioinformatik-Gruppen vernetzt sind (s. S. 154).

Das 2003 gegründete **Europäische Genomforschungs-Netzwerk Gerste (BarleyGenomeNet – BGN)** ist ein Zusammenschluss von neun Forschungseinrichtungen aus fünf europäischen Ländern, welche sich schwerpunktmäßig mit der Genomanalyse bei Gerste befassen ([www.barleygenome.org](http://www.barleygenome.org)).

Das „**International Barley Sequencing Consortium**“ (IBSC, <http://barleygenome.org>) wurde im Dezember 2006 gegründet und umfasst 10 Mitgliedsinstitutionen aus acht Ländern. Das Ziel ist die Entwicklung einer Referenzsequenz des Gers tengenoms und die Bearbeitung daraus abgeleiteter Fragestellungen.

Der im Jahr 2011 gegründete „**Leibniz-WissenschaftsCampus für Pflanzenbasierte Bioökonomie**“ ist ein Forschungsverbund der Leibniz-Institute in Halle und Gatersleben mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (<http://www.sciencecampus-halle.de/>). Gemeinsam mit weiteren, assoziierten Forschungseinrichtungen bietet der Campus eine Plattform für die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen Wirtschafts-, Lebens- und Naturwissenschaften in Forschung und Lehre.

Innerhalb der Leibniz-Gemeinschaft ist das IPK über Forschungsverbünde themenspezifisch vernetzt (<http://www.leibniz-gemeinschaft.de/forschung/leibniz-forschungsverbuende/>). Im „**Leibniz-Verbund Biodiversität**“ werden gemeinsam mit

however, also used to address some basic issues. Selected applied biotechnology research topics have taken advantage of yeast-based systems.

### **Integrative structures and networks**

The IPK houses a number of inter-departmental structures to provide a service function and to support scientific cross-cutting activities. The pattern of project funding provides a further measure of integration, since it involves a number of both national and international research collaborations. These help to develop and promote long-term collaborative projects, to win project funding and to develop the careers of young researchers.

The **Plant Genome Resources Centre (PGRC)** provides a DNA sequencing and DNA marker analysis service (see p. 152).

The **IPK Bioinformatics Platform** networks the bioinformaticians housed within each of the scientific departments (see p. 154).

The **European Genome Research Network Barley (BarleyGenomeNet – BGN)**, founded in 2003, is an association of nine research institutions spanning five European countries, all focusing on the genome analysis of barley ([www.barleygenome.org](http://www.barleygenome.org)).

The „**International Barley Sequencing Consortium**“ (IBSC, <http://barleygenome.org>) was founded in December 2006 and involves ten member institutions in eight countries. Its objective is to develop a reference sequence of the barley genome and to investigate issues arising from this.

The „**Leibniz Scientific Campus for Plant-based Bioeconomy**“, founded in 2011, is a joint enterprise of the Leibniz institutes at Halle and Gatersleben and Martin Luther University Halle-Wittenberg (<http://www.sciencecampus-halle.de/>). In collaboration with other associated research institutions, the campus provides a research and teaching platform which promotes interdisciplinary teamwork in the fields of economics, and the life and natural sciences.

Within the Leibniz Gemeinschaft, the IPK is thematically linked with a number of research consortia (<http://www.leibniz-gemeinschaft.de/forschung/leibniz-forschungsverbuende/>). The „Leibniz Association Biodiversity“ programme is a collaboration involving 20 other Leibniz institutions, tasked with developing approaches to the conservation and use of biological diversity consistent with the competing political demands made by climate, energy, agriculture and the economy. The institute is also a partner of the recently founded „**Leibniz Research Alliance on Sustainable Food Production and Healthy Nutrition**“.

In addition to the platforms and associations listed above, the IPK is also involved in several bilateral collaborations with both national and international research institutions. Individual research teams are partners in many national and international projects.

20 weiteren Leibniz-Einrichtungen Lösungsansätze erarbeitet, um die Erhaltung und Nutzung der biologischen Vielfalt mit konkurrierenden Zielen der Klima-, Energie-, Landwirtschafts- und Wirtschaftspolitik in Einklang zu bringen. Darüber hinaus ist das Institut an dem kürzlich ins Leben gerufenen **Leibniz-Forschungsverbund „Nachhaltige Lebensmittelproduktion und gesunde Ernährung“** beteiligt.

Ergänzend zu den genannten Plattformen und Verbänden ist das IPK in eine Reihe von bilateralen Kooperationen mit Forschungseinrichtungen im In- und Ausland eingebunden. Einzelne Arbeitsgruppen sind an einer Vielzahl nationaler und internationaler Verbundprojekte beteiligt.

## Das Institut in den Jahren 2012 und 2013

Die vergangenen zwei Jahre waren durch eine Reihe herausragender Forschungsergebnisse und die Weiterentwicklung der wissenschaftlich-technischen Infrastruktur gekennzeichnet. Die Grundlage hierfür wurde durch eine umfangreiche Drittmittelwerbung sowie eine Vielzahl von Kooperationen auf nationaler und internationaler Ebene gelegt. Mit der Bundeszentralen *Ex-situ*-Genbank und den damit verbundenen Dienstleistungsaufgaben leistet das IPK wichtige Beiträge zur Umsetzung der nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt. Das Forschungsprogramm des Institutes erstreckt sich von der Grundlagenforschung bis hin zu Bearbeitung angewandter Fragestellungen im Vorfeld der Pflanzenzüchtung und der Biotechnologie. Nachfolgende Abschnitte sollen dem Leser einen Überblick zu den wichtigsten Entwicklungen am IPK vermitteln. Weitere Informationen zu den Forschungsarbeiten sind den Berichten der Abteilungen und der einzelnen Arbeitsgruppen zu entnehmen.

### Organisatorische Veränderungen

Im Folgenden sind die wichtigsten organisatorischen Veränderungen in chronologischer Reihenfolge aufgeführt.

Die Arbeitsgruppe „Taxonomie Pflanzengenetischer Ressourcen“ wurde zum 1. Januar 2012 aufgelöst, Forschungs- und Dienstleistungsaufgaben wurden in die Arbeitsgruppe „Experimentelle Taxonomie“ (Leiter Dr. Frank Blattner) integriert.

Die Arbeitsgruppen „Karyotypevolution“ und „Epigenetik“ wurden zum 31. Dezember 2012 geschlossen.

Die Förderung der über Drittmittel finanzierten Nachwuchsgruppe „Dateninspektion“ endete zum 31. Dezember 2012. Die Arbeitsgruppe wurde aufgelöst.

Zum 1. Januar 2013 übernahm Prof. Dr. Jochen Reif als Nachfolger von Prof. Dr. Ingo Schubert die Leitung der Abteilung „Cytogenetik und Genomanalyse“. Er leitet die neu gegründete Arbeitsgruppe „Quantitative Genetik“.

Die Abteilung „Cytogenetik und Genomanalyse“ ist seit dem 1. Mai 2013 in drei Forschungsbereiche (bisher zwei) untergliedert: „Statistische und Computergestützte Genomik“ (Leiter: Prof. Dr. Jochen Reif), „Cytogenetik“ (Leiter: PD Dr. Andreas Houben) sowie „Funktionelle Genomanalyse“ (Leiter: Dr. habil. Patrick Schweizer).

Seit dem 1. Mai 2013 leitet Dr. Gerd Patrick Bienert als Emmy Noether-Stipendiat der DFG die neu etablierte Arbeitsgruppe „Metalloid Transport“.

## The Institute during 2012 and 2013

The previous two years have witnessed a series of outstanding research achievements and a number of improvements in the quality of the scientific and technical infrastructure of the institute. Much of this progress has relied on the acquisition of major external funding, plus the establishment of a multitude of national and international collaborations. The Federal *ex situ* Genebank, through its service responsibilities, has made considerable contributions towards implementing the national biodiversity strategy. Its research programme includes both basic and applied components concerned with pre-breeding and biotechnology. The following offers an overview of the main developments in the IPK, while more detailed information is presented in the various department and working group reports.

### Organizational changes

The major organizational changes affecting the institute during the period are listed below in chronological order:

The “Taxonomy of Plant Genetic Resources” working group was dissolved on January 1 2012, and its research and service tasks were integrated into the “Experimental Taxonomy” working group headed by Dr. Frank Blattner.

The “Karyotype Development” and “Epigenetics” working groups were closed on December 31 2012.

Support of the junior research group “Data Inspection”, sponsored by external funding, ceased on December 31 2012, and the group was dissolved.

Prof. Jochen Reif replaced Prof. Ingo Schubert as head of the “Cytogenetics and Genome Analysis” Department on January 1 2013. He now chairs the newly established “Quantitative Genetics” working group.

The “Cytogenetics and Genome Analysis” Department was split on May 1 2013 into three (formerly two) research areas: “Statistical and Computer-aided Genomics” (head: Prof. Jochen Reif), “Cytogenetics” (head: Dr. Andreas Houben) and “Functional Genome Analysis” (head: Dr. Patrick Schweizer).

From May 1 2013, Dr. Gerd Patrick Bienert – a holder of a scholarship awarded by the German Research Foundation (DFG) Emmy Noether foundation – became head of the newly established “Metalloid Transport” working group.

Dr. Nese Sreenivasulu, head of the junior research group “Abiotic Stress Genomics”, funded by the interdisciplinary centre for crop research, was appointed as a senior scientist

Dr. Nese Sreenivasulu, der Leiter der durch das Interdisziplinäre Zentrum für Nutzpflanzenforschung finanzierten Nachwuchsgruppe „Abiotische Stress-Genomik“ wurde als *Senior Scientist* an das International Rice Research Institute (IRRI) berufen. Die kommissarische Leitung der Gruppe erfolgt seit 1. Mai 2013 durch Dr. Markus Kuhlmann.

Der Leiter der Arbeitsgruppe „Systembiologie“, Dr. Björn Junker, hat einen Ruf (W2) der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg an das Institut für Pharmazie angenommen. Seine Arbeitsgruppe wurde zum 1. Juli 2013 aufgelöst.

### Entwicklungen von zentraler Bedeutung

- 1) Im März 2012 erfolgte die alle sieben Jahre anstehende Evaluierung des IPK durch den Senat der WGL. In ihrem Bericht stellte die Bewertungskommission fest, „dass das IPK einen Leuchtturm auf dem Gebiet der Pflanzenforschung darstellt“. Besonders hervorgehoben wurde die Bedeutung der Genbank als Alleinstellungsmerkmal des Instituts. Ihre Einbindung in die als *sehr gut* bis *exzellent* bewerteten Forschungsarbeiten gilt es in Zukunft weiter zu stärken.
- 2) Am 1. April 2013 jährte sich die Gründung des IPK zum 70. Mal. Eine Festveranstaltung mit Gästen aus Wissenschaft, Politik und Verwaltung, darunter viele ehemalige Mitarbeiter des Instituts, bildeten den feierlichen Rahmen, um die Höhepunkte aus sieben Jahrzehnten Forschung am IPK Revue passieren zu lassen.
- 3) Die Einwerbung von Drittmitteln stellt eine wichtige Grundlage für die Umsetzung des Forschungsprogramms dar. Mit 10,6 Mio. € (2012) bzw. 12,0 Mio. (2013) befinden sich die Drittmittelleinnahmen weiterhin auf einem sehr hohen Niveau. Wie in den vergangenen Jahren war das BMBF mit den Förderprogrammen zur angewandten Pflanzenforschung „Plant2030“ der größte Drittmittelgeber, gefolgt von der DFG. Auch hier konnte die Einwerbung von Projektmitteln aus den verschiedenen Förderlinien weiter gesteigert werden.
- 4) Im Oktober 2012 fiel der Startschuss für das aus BMBF-Mitteln über einen Zeitraum von 5 Jahren geförderte Deutsche Pflanzen-Phänotypisierungsnetzwerk (DPPN). Gemeinsam mit dem Forschungszentrum Jülich und dem Helmholtz-Zentrum in München wurde mit dem Aufbau von Technologieplattformen zur Vermessung von Pflanzen in Labor, Gewächshaus und Feld mit Hilfe modernster, nicht invasiver Verfahren begonnen. In diesem Zusammenhang stellt das Land Sachsen-Anhalt zusätzliche Mittel zum Bau einer 1000 m<sup>2</sup> großen Phytotron-Halle zur Verfügung.
- 5) Forschungsergebnisse wurden in den vergangenen beiden Jahren in 332 Artikeln in referierten Fachzeitschriften veröffentlicht. Hinzu kommen 67 Publikationen, die als Buchbeiträge erschienen sind. Wissenschaftler des IPK hielten über 100 Vorträge auf internationalen Tagungsveranstaltungen

at the International Rice Research Institute (IRRI) in The Philippines. The provisional head of the group (since May 1 2013) is Dr. Markus Kuhlmann.

Dr. Björn Junker, head of the “Systems Biology” working group accepted an appointment (W2) in the Institute of Pharmacy, Martin Luther University Halle-Wittenberg. His working group was dissolved on July 1 2013.

### Key developments

- 1) The regular seven-yearly evaluation of the IPK was conducted in March 2012 by the WGL senate. The evaluation commission commented that “the IPK represents a beacon in the field of plant sciences”. They particularly emphasized the importance of the genebank as a unique feature of the institute. A specific recommendation was that its integration into the research programme at large, which was rated as “very good to excellent”, should be further enhanced in the future.
- 2) April 1 2013 marked the 70<sup>th</sup> anniversary of the founding of the IPK. During a festive gala involving invited guests from the fields of science, politics and administration (among them many former employees of the institute), highlights of the past seven decades of scientific research were recalled.
- 3) Externally raised funds have made a vital contribution towards implementing the research programme. These amounted to € 10.6 million in 2012 and € 12.0 million in 2013. As in previous years, BMBF – through its support programme “Plant2030” – has been the largest single provider, followed by DFG. Further increases from the various funding agencies will be desirable.
- 4) In October 2012, the German Plant Phenotyping Network (DPPN) was initiated, funded by BMBF for a period of five years. In collaboration with a research centre in Jülich and the Helmholtz-Zentrum in Munich, it has been establishing the necessary technology platforms for measuring plants in the laboratory, greenhouse or field using state-of-the-art non-invasive procedures. The state government of Saxony-Anhalt has provided additional funding to construct a phytotron building with a ground area of 1000 m<sup>2</sup>.
- 5) Over the past two years, IPK scientists have authored 332 papers published in peer-reviewed academic journals, and an additional 67 book chapters. IPK scientists have given over 100 lectures at international meetings, and more than 200 lectures at various seminars and workshops.
- 6) As part of the training of young researchers, 21 Bachelor’s, nine Diploma and 16 Master’s theses have been completed, as well as 34 PhD dissertations and two postdoctoral theses.

sowie mehr als 200 Vorträge auf Seminarveranstaltungen und Workshops.

- 6) Im Zuge der Ausbildung von wissenschaftlichem Nachwuchs wurden im Berichtszeitraum 21 Bachelor-, 9 Diplom- und 16 Masterarbeiten sowie 34 Dissertationen und 2 Habilitationen abgeschlossen.
  - 7) Im April 2012 erfolgte der Startschuss für die gemeinsam mit der Martin-Luther-Universität etablierten Leibniz-Graduierten-Schule „yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors“. Im Mittelpunkt der Forschungsarbeiten steht die Identifizierung von genetischen und physiologischen Faktoren, die das Ertragspotenzial von Gerste und Weizen begrenzen. Die Finanzierung von 8 Doktoranden erfolgt mit WGL-Mitteln aus dem „Pakt für Forschung und Innovation“.
  - 8) Große Fortschritte konnten beim Ausbau der wissenschaftlich-technischen Infrastruktur erzielt werden. Mit der grundhaften Rekonstruktion eines Gewächshauses der Abteilung Physiologie und Zellbiologie (PZB) konnten die Kapazitäten für die Pflanzenanzucht unter kontrollierten Bedingungen um insgesamt 165 m<sup>2</sup> Nutzfläche erweitert werden. Zu Testzwecken wurde ein Teil der Kabinen mit LED-Leuchten ausgerüstet. Der analytische Nachweis von Primär- und Sekundärmetaboliten sowie Eiweißmolekülen konnte durch den Ausbau der Massenspektrometrie verbessert werden. Erstmals können 2D Proteom- und Metabolitanalysen an Gewebeschnitten durchgeführt werden. Mit Hilfe der hochauflösenden „Spinning Disc Mikroskopie“ können Bilderserien aus lebenden Zellen in Echtzeit aufgenommen werden (real time life cell imaging).
  - 9) Im Rahmen von zwei externen Audits in den Jahren 2012 und 2013 wurde der Zertifizierungsstatus des Qualitätsmanagements nach DIN EN ISO 9001:2008 der Genbank und der Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste bestätigt.
- 7) In April 2012, in conjunction with the Martin Luther University Halle-Wittenberg, the IPK founded the Leibniz Graduate School focusing on “Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors“. Its research mandate lies in identifying what genetic and physiological factors limit the grain yield of barley and wheat. Eight PhD candidates are currently being supported by WGL funds obtained through the “Pact for Research and Innovation“.
  - 8) Measurable progress has been made with respect to expanding the scientific and technical infrastructure. A complete reconstruction of a greenhouse belonging to the Physiology and Cell Biology Department has increased its capacity for cultivating plants under controlled conditions by 165 m<sup>2</sup>. Some of the cabinets were fitted with LED lighting as a pilot test. The expansion of the mass spectroscopy facility has further improved the institute’s capacity to identify primary and secondary metabolites as well as proteins in biological samples. For the first time, it has become possible to perform two dimensional proteomic and metabolomic analyses on tissue sections. A high resolution “spinning disc microscopy” device was installed to allow the real time capture of images from living cells.
  - 9) Following two external audits (one in 2012, the other in 2013), the quality management of both the genebank and the Administrative and Central Services Department were confirmed as being compliant with DIN EN ISO 9001:2008.

### Die Arbeit der Gremien

Die Aufgabe des Wissenschaftlichen Beirats besteht in der Beratung des Direktoriums und des Stiftungsrats zu wissenschaftlichen und technischen Fragen. Der Genbank-Beirat steht dem Wissenschaftlichen Beirat als Beratungsgremium für Genbank-spezifische Fragen zur Seite. Beide Gremien treffen sich jährlich anlässlich des Institutstags zur Begutachtung der Arbeiten am IPK. Im Jahr 2012 (24. bis 26. September) befasste sich der Wissenschaftliche Beirat mit den Abteilungen Genbank sowie Cytogenetik und Genomanalyse, im Jahr 2013 (25. bis 27. September) wurden die Forschungsarbeiten in den Abteilungen Molekulare Genetik sowie Physiologie und Zellbiologie begutachtet. Parallel hierzu besuchte der Genbank-Beirat in beiden Jahren die Genbank.

Der Stiftungsrat tagte in beiden Jahren, jeweils im November, unter der Leitung des Vorsitzenden Thomas Reitmann bzw. seiner Stellvertreterin Gisela Liepelt (2012). Im Mittelpunkt der

### The role of the advisory boards

The scientific Advisory Board advises the Board of Directors and the Governing Board on academic and technical matters. The Genebank Advisory Board supports the Scientific Advisory Board in matters concerning the genebank. Both councils meet on an annual basis to appraise the institute’s research programme. In 2012 (September 24-26), the Scientific Advisory Board focused on the genebank and the Cytogenetics and Genome Analysis Department, while in 2013 (September 25-27), it was the turn of the Molecular Genetics and the Physiology and Cell Biology Departments. The Genebank Advisory Board visited the genebank in both years. The Governing board held a meeting in November of both years, headed either by its chairman Thomas Reitmann (2013) or by his deputy Gisela Liepelt (2012). Discussions centred on the continuity of programme budgeting, the construction of a building to handle plants, the procurement of large equipment, an update of the building programme and plans for extending the trialling area.

### Conferences and workshops

During the reporting period 18 conferences, symposia and workshops were held, with a large component of international participants. The highlights of three of these events are mentioned below, and a complete overview of the events held is given on p. 187. On the occasion of its 70<sup>th</sup> anniversary on April 12 2013, the IPK invited 500 employees, friends and guests to a celebration

Besprechungen standen die Fortführung des Programmbudgets, der Bau einer Pflanzenkulturhalle, die Beschaffung von Großgeräten, die Aktualisierung des Raumprogramms sowie Planungen zur Erweiterung der Versuchsflächen.

### Tagungen und Workshops

Im Berichtszeitraum wurden insgesamt 18 Tagungsveranstaltungen, Symposien und Workshops mit überwiegend internationaler Beteiligung durchgeführt. Ergänzend zu den im Folgenden aufgeführten Highlights findet sich auf S. 187 eine Gesamtübersicht mit allen Veranstaltungen. Auf drei Ereignisse sei jedoch besonders hingewiesen:

Anlässlich seines 70-jährigen Bestehens lud das IPK 500 Mitarbeiter, Freunde und Gäste zu einer Festveranstaltung am 12. April 2013 ein (Abb. 1). In Grußworten wurde die Entwicklung nach der Neugründung des Institutes im Jahr 1992 gewürdigt. In ihren Festvorträgen zeichneten Prof. Dr. Axel Brennicke als ehemaliger Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirats und Prof. Dr. Ulrich Wobus als langjähriger Leiter des Instituts wichtige Entwicklungslinien der Pflanzenforschung sowie der Institutsgeschichte nach. Letztere ist in einem kürzlich im Springer-Verlag erschienenen Buch, welches gemeinsam von Klaus Müntz und Ulrich Wobus verfasst wurde, kenntnisreich dokumentiert<sup>2</sup>. Weitere Informationen zu der Veranstaltung sind im IPK-Journal (Band 22, 2013) zusammengestellt.

(Fig. 1). Opening speeches paid tribute to the institute's development after its re-founding in 1992. Prof. Axel Brennicke, former chairman of the scientific council, and Prof. Ulrich Wobus, long-time director of the institute, traced the major lines of development in plant research and the institutes history. An insightful account of the latter has recently been published by Springer Verlag, written by Klaus Müntz and Ulrich Wobus. Further information regarding the event has appeared in the IPK journal (vol. 22, 2013).

Between April 23 and 25 2012, over 100 participants coming from 17 countries attended the 11. Gatersleben Research Conference on the theme "Chromosome biology, genome evolution and speciation" (Fig. 2, p. 14). The meeting enjoyed presentations featuring new research approaches, technologies and results in the area of (cyto)genetics and genomics.

The first summer school „BARLOMICS“ was held from September 7 to 10 2013. This special event was organized by the IPK postdoctoral community, and was directed for the most part to PhD students involved in barley 'omics research. The programme comprised morning lectures, with the afternoons given over to practical exercises and demonstrations. The meeting attracted a lively level of interest among the IPK PhD students, as well as among those based at the nearby Julius Kühn Institute Quedlinburg and the Martin Luther University Halle-Wittenberg.



**Abb. 1**  
70-jähriges Jubiläum des Leibniz-Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) 2013 (Foto: H. Ernst, IPK Gatersleben).

**Fig. 1**  
70<sup>th</sup> Anniversary of the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) 2013 (Photo: H. Ernst, IPK Gatersleben).

<sup>2</sup> Müntz, K., Wobus, U. (2012) Das Institut Gatersleben und seine Geschichte. Genetik und Kulturpflanzenforschung in drei politischen Systemen. Springer-Verlag, Heidelberg.



**Abb. 2**  
Die Teilnehmer der 11. Gatersleben Research Conference 2012 (Foto: H. Ernst, IPK Gatersleben).

**Fig. 2**  
Participants of the 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference 2012 (Photo: H. Ernst, IPK Gatersleben).

Vom 23. bis 25. April 2012 wohnten über 100 Teilnehmer aus 17 Nationen der 11. Gatersleben Research Conference zum Thema „Chromosome Biology, Genome Evolution, and Speciation“ bei (Abb. 2). Dabei stellten Wissenschaftler neueste Forschungsansätze, Technologien und Ergebnisse vor, um (cyto-)genetische und genomische Informationen zu generieren und auszuwerten.

Ein ganz besonderes Ereignis war die erste vom IPK Postdoc Board organisierte Summer School „BARLOMICS“ (7. bis 10. September 2013). Diese Veranstaltung richtete sich in erster Linie an Doktoranden, die mit Hilfe von „omics“-Technologien an Fragestellungen bei Gerste forschen. Das Programm bestand aus einem Vortragsteil (vormittags) sowie praktischen Übungen und Vorführungen (nachmittags). Die Veranstaltung stieß auf große Resonanz unter den Doktoranden aus dem IPK sowie dem nahegelegenen Julius Kühn-Institut Quedlinburg und der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

Im Rahmen des Institutstages wurde am 24. September 2012 der durch die „Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung e.V.“ und das IPK gestiftete Gaterslebener Forschungspreis an Frau Dr. Tony Heitkam (TU Dresden) für ihre Dissertation zur Untersuchung von Retrotransposons in der Zuckerrübe verliehen. Zum Auftakt des Institutstages 2013 wurde Ulrike Rudolph (TU München-Weihenstephan) für ihre Masterarbeit „Genetische Vielfalt in einer weltweiten Sammlung von

During the annual meeting held on September 24 2012, the Gatersleben research prize, sponsored by the “Association for the Promotion of Crop Plant Research” (“Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung e.V.”) and the IPK, was awarded to Dr. Tony Heitkam (TU Dresden) for her dissertation on retrotransposons in sugar beet. At the beginning of the 2013 annual meeting, Ulrike Rudolf (TU München) was awarded the Rudolf Mansfeld research prize for her Master’s thesis “Genetic diversity within a worldwide collection of winter rye”. The “Beagle Award” was granted both in 2012 and 2013 jointly with the PhD board – four IPK PhD students were honoured for their excellence in the area of scientific and social commitment.

### **Cooperation with universities and research facilities**

Networking with other research institutes is recognized as an important means to promote the institute’s research programme. The objective is to exploit complementary know-how and technical equipment, and to identify promising young researchers. A particular fruitful collaboration is the one involving the Martin Luther University Halle-Wittenberg within the framework of the Leibniz Scientific Campus and the Interdisciplinary Centre for Crop Research. An existing agreement with the National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS) in Tsukuba (Japan) was extended for a further five years, building on a history of close collaboration. A collaborative agreement was signed with the Max Planck Institute for Molecular Plant



Winterroggenpopulationen“ mit dem Rudolf-Mansfeld-Preis ausgezeichnet. Gemeinsam mit dem PhD Board erfolgte in den Jahren 2012 und 2013 wieder die Vergabe des „Beagle Award“. Dabei wurden insgesamt vier Doktoranden aus dem IPK für hervorragendes wissenschaftliches und soziales Engagement ausgezeichnet.

### **Zusammenarbeit mit Universitäten und Forschungseinrichtungen**

Ein wichtiger Aspekt im Hinblick auf die Weiterentwicklung des Forschungsprogramms ist die Vernetzung mit anderen Forschungseinrichtungen. Ziel ist die Nutzung von Komplementäreffekten (Know-how, technische Ausstattung) und die verbesserte Gewinnung von Nachwuchswissenschaftlern. Besonders hervorzuheben ist hierbei die Zusammenarbeit mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg im Rahmen des Leibniz-Wissenschaftscampus und des Interdisziplinären Zentrums für Nutzpflanzenforschung. Vor dem Hintergrund der intensiven Zusammenarbeit mit dem National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS) in Tsukuba (Japan) wurde der bestehende Kooperationsvertrag um weitere 5 Jahre verlängert. Zum Ausbau der Zusammenarbeit mit dem Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm wurde ein Kooperationsvertrag geschlossen. Ebenso wurden Kooperationsvereinbarungen mit der Hochschule Anhalt, Köthen und der Hochschule Harz, Wernigerode geschlossen. Gemeinsam mit 20 weiteren Leibniz-Instituten hat sich das IPK 2013 zu dem „Leibniz Forschungsverbund Biodiversität“ zusammengeschlossen. Für die Mitwirkung im DFG-Forschungszentrum „Integrative Biodiversitätsforschung“ (iDiv) wurden Kooperationsverträge mit den beteiligten Hochschulen und Forschungseinrichtungen aus Mitteldeutschland geschlossen.

Das IPK konnte seine Stellung als attraktiver Ausbildungsstandort für akademischen Nachwuchs weiter festigen. Ende 2013 waren 93 Doktoranden am Institut tätig. Das am Institut etablierte Doktorandenprogramm wird über weite Strecken durch das „Student Board“ mit gestaltet. Zu den Aktivitäten zählen Doktorandenseminare, die Einladung externer Wissenschaftler zu Seminarvorträgen, die Organisation der Plant Science Student Conference sowie spezielle Fortbildungsveranstaltungen zur Förderung von „soft skills“. Im Zuge der weiteren Strukturierung des Doktorandenprogramms wurde Mitte 2012 gemeinsam mit der MLU Halle-Wittenberg eine Graduierten-Schule zum Thema „yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors“ gestartet, welche aus Mitteln des Leibniz-Pakts für Forschung und Innovation gefördert wird. Wissenschaftler des Instituts führten Lehrveranstaltungen an oder in Zusammenarbeit mit den Universitäten Halle-Wittenberg, Potsdam, Kassel, Kiel, Jena, Magdeburg und Greifswald sowie der Hochschule Anhalt an den Standorten Bernburg und Köthen fort.

Physiology at Golm to strengthen established informal cooperations. Similar collaboration agreements were signed with the Anhalt University of Applied Sciences Bernburg and Köthen and the Harz University Wernigerode. In 2013, the IPK and 20 other Leibniz institutes formed the “Leibniz Research Network Biodiversity“. In order to participate in the DFG “Integrative Biodiversity Research“ (iDiv) German Centre for collaboration agreements have been signed with each of the participating universities and research institutions located in central Germany.

The IPK was able to consolidate its position as an attractive training centre for potential academics. A total of 93 PhD students was associated with the institute as of the end of 2013. The “Student Board“ shapes the institute’s PhD programme, the activities of which include PhD seminars, lectures given by outside scientists, the organization of the Plant Science Student Conference and special training sessions designed to promote “soft skills“. In the summer of 2013 the Graduate School focused on “Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors“ was set up in conjunction with the Martin Luther University Halle-Wittenberg as part of a major re-structuring of the PhD programme; the School is sponsored by the Leibniz Pact for Research and Innovation. Along with IPK, courses were given in collaboration with staff from the Martin Luther University Halle-Wittenberg and the Universities of Potsdam, Kassel, Kiel, Jena, Magdeburg and Greifswald, as well from the Anhalt University of Applied Sciences at Bernburg and Köthen.

### **Public relations and public impact**

Exposure in the electronic media and in the press, as well as tours for the public, provide an essential channel for presenting the work of the institute to the general public. During the reporting period, over 1200 visitors took part in 71 tours to the Gatersleben, Groß Lüsewitz and Malchow/Poel sites, where they were informed about many of the ongoing research projects and the conservation of genetic resources. Reflecting public interest, most of the tours focused on the genebanks at the three sites. Numerous descriptions of aspects of the activities and tasks of the IPK have appeared in television broadcasts, over the internet and in print. The institute organized 26 press releases over the reporting period. Institute employees have served as contact persons for various media reporters and politicians. The IPK website was relaunched in spring 2012. Its design was geared to facilitating access to a range of potential users, and features a newly created corporate design. The IPK journal, which is intended as an internal communication organ, appears twice a year. Its primary function is to inform employees and others affiliated to the institute regarding events and developments at the Gatersleben campus.

An open day, organized jointly with other partners housed within the Gatersleben campus, was run in both 2012 and 2013. Its aim is to reach out to the local population to show them the sorts of research being conducted by the institute. The event attracted more than 500 visitors in both years. At the “Fest der

### Öffentlichkeitsarbeit und öffentliche Wirkung

Für die Darstellung in der breiten Öffentlichkeit spielen die Medien- und Pressearbeit sowie Führungen von Besuchergruppen eine wichtige Rolle. Im Berichtszeitraum wurden in 71 Führungen über 1200 Besucher an den Standorten Gatersleben, Groß Lüsewitz und Malchow/Poel über Forschungsarbeiten und die Erhaltung genetischer Ressourcen informiert. Ein erheblicher Anteil der Führungen konzentrierte sich – resultierend aus dem öffentlichen Interesse – auf die Genbanksammlungen in Gatersleben und an den beiden Standorten Groß Lüsewitz und Malchow/Poel.

Im Fernsehen, im Internet und in den Printmedien erschienen zahlreiche Beiträge, die die Arbeiten und die Aufgaben des IPK einer breiten Öffentlichkeit präsentierten. Daneben erschienen im Berichtszeitraum 26 Presseinformationen. Mitarbeiter des Instituts standen Medienvertretern und Politikern als Ansprechpartner zur Verfügung.

Im Frühjahr 2012 ging die neu überarbeitete Website des IPK online. Sie wurde zielgruppengerechter konzipiert und ermöglicht einen einfacheren Zugang zu ausgewählten Informationen. Parallel erfolgte die Einführung eines neuen Corporate Designs.

Für die interne Kommunikation erscheint das IPK-Journal mit zwei Ausgaben pro Jahr. Die Zeitschrift richtet sich in erster Linie an Mitarbeiter sowie an Leser aus dem Umfeld des Instituts und informiert über Ereignisse und Entwicklungen auf dem Gaterslebener Campus.

Begegnung“ (festival of meeting people) which ran in parallel with the open days, foreign employees prepared culinary specialties from their home countries and presented a wide range of cultural and historical information (Fig. 3).

In 2012, the institute had a presence on the joint BMFB stand at the “International Green Week Berlin” and at the “DLG Field Days” at Bernburg-Strenzfeld. The theme presented was research directed at using genetic modification to improve the drought tolerance of winter barley. In the same year, the IPK exhibited on the topic “Biosensors – diverse means of detection” at the Munich “Analytica” technical trade fair. In 2013, the institute made a presentation “Biosensors as a rapid detection system for environmental analysis and the pharmaceutical and food industries” as part of a joint exhibition organized by Saxony, Saxony-Anhalt and Thuringia at the “BIOTECHNICA” event at Hannover.



**Abb. 3**  
Tag der offenen Tür und 6. Fest der Begegnung 2012  
Die vietnamesischen Mitarbeiter/-innen führten traditionelle Stocktänze vor (Foto: H. Ernst, IPK Gatersleben).

**Fig. 3**  
Open House Presentation and 6<sup>th</sup> Festival of Cultures 2012  
Vietnamese colleagues presented traditional dances (Photo: H. Ernst, IPK Gatersleben).

Mit dem Tag der offenen Tür soll die Bevölkerung in der Region angesprochen und über die Arbeiten des Instituts informiert werden. Zu der gemeinsam mit den Partnern auf dem Gaterslebener Campus in jedem Jahr durchgeführten Veranstaltung fanden auch in den vergangenen beiden Jahren jeweils wieder über 500 Besucher den Weg an das Institut. Zum „Fest der Begegnung“, welches im Jahr 2012 gemeinsam mit dem Tag der offenen Tür stattfand, hielten die ausländischen Mitarbeiter wieder kulinarische Spezialitäten sowie ein breites Angebot an Informationen zur Kultur und Geschichte ihrer Heimatländer bereit (s. Abb. 3, S. 16).

Mit Exponaten von gentechnisch veränderten Wintergerstenlinien, die eine erhöhte Trockentoleranz aufweisen, war das Institut 2012 sowohl auf der „Grünen Woche“ in Berlin auf dem Gemeinschaftsstand des BMBF als auch auf den DLG-Feldtagen in Bernburg-Strenzfeld vertreten. Im gleichen Jahr präsentierte das IPK auf der Fachmesse „Analytica“ in München Exponate zum Thema „Biosensoren – Vielfalt der Detektion“.

Im Jahr 2013 war das Institut auf der „BIOTECHNICA“ in Hannover auf dem Gemeinschaftsstand der Länder Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen vertreten und stellte neueste Entwicklungen zum Thema „Biosensoren als schnelle Nachweissysteme in der Umweltanalytik, Pharmazie und Lebensmittelindustrie“ vor.

### Der Biotechnologiestandort Gatersleben

Als größte Einrichtung auf dem Campus steht das Institut im Mittelpunkt der Standortinitiative Green Gate Gatersleben (<http://www.green-gate-gatersleben.de/>). Diese umfasst neben dem Institut sechs Firmen, ein Schülerlabor sowie verschiedene Dienstleister. Die Zusammenarbeit mit verschiedenen am Standort angesiedelten Firmen erfolgt über die Bearbeitung gemeinsamer Projekte, die in erster Linie vom BMBF, dem BMEL und der EU im Rahmen von Public Private Partnerships gefördert werden, sowie durch die Bereitstellung wissenschaftlicher Serviceleistungen auf dem Gebiet der DNA-Analytik.

Der weitere Ausbau des Campus ist durch die ablehnende Haltung gegenüber der Grünen Gentechnik von weiten Teilen der Gesellschaft und Politik geprägt. Im Ergebnis dieser Widerstände entschied sich die Firma BASF Plant Science, ihre Forschungs- und Entwicklungsarbeiten für den europäischen Markt einzustellen. Dies bedeutete im Jahr 2013 auch die Schließung der Firma *SunGene*. Diese war 15 Jahre zuvor als Ausgründung des Instituts ins Leben gerufen worden, mit dem Ziel, gentechnische Ansätze zur Stoffproduktion in Pflanzen zu nutzen. Die Schließung von *SunGene* bedeutet den Verlust von über 50 qualifizierten Arbeitsplätzen, die teilweise in die USA verlagert wurden.

Umso erfreulicher war die Entscheidung der Firma Bayer CropScience, im Jahr 2011 das europäische Zentrum für Weizenzüchtung auf dem Campus im Biotechpark Gatersleben anzusiedeln. Der Auf- und Ausbau des Zentrums schritt zügig voran und bietet für das IPK wichtige Anknüpfungspunkte für die Forschungsarbeiten an Weizen.

### Biotechnology Gatersleben

The institute is the largest organization housed within the Gatersleben campus, and is the focus of the local initiative “Green Gate Gatersleben” (<http://www.green-gate-gatersleben.de/>). The other partners comprise six commercial companies, one school laboratory and several service providers. Collaboration with several of the resident companies is in the form of Public-Private Partnership joint projects, mainly sponsored by BMBF, BMEL and the EU; a strong programme of scientific service provision is in the field of DNA analytics.

Further development of the campus is inhibited by the negative attitude of a large proportion of the society and politicians towards green genetic engineering. As a result of this, BASF Plant Science have pulled out of research and development for the European market. The *SunGene* company, created 15 years ago as an institute spin-off with the objective of using genetic engineering to turn plants into factories for specific substances, was closed in 2013. This resulted in the loss of over 50 high quality jobs, and some of the personnel were relocated to the USA.

On the other hand, the decision of Bayer CropScience to establish their European Centre for Wheat Breeding within the Biotech Park Gatersleben in 2011 was a welcome development. The establishment and the expansion of this Centre has been progressing rapidly and now provides important opportunities for interaction with IPK’s wheat research programme.

## Verwaltung und Infrastruktur/ Administration and Infrastructure

### Personal

Im Berichtsjahr 2013 hat sich die Anzahl der Beschäftigten gegenüber dem Jahr 2012 (Stichtag: 31. Dezember) von 539 auf 518 Personen leicht verringert. Darunter befanden sich am Stichtag 337 (2012: 337) Mitarbeiter/-innen auf haushaltsfinanzierten und 161 (2012: 181) auf drittmittelfinanzierten Stellen. Zum 31. Dezember 2013 waren 296 Personen in einem befristeten Arbeitsverhältnis tätig. Von den 185 Wissenschaftler/-innen waren insgesamt 150 – darunter 40 haushaltsfinanzierte Wissenschaftler – befristet beschäftigt.

Die Entwicklung über die letzten drei Jahre ist in nachfolgender Aufstellung und in Abb. 4 dargestellt:

	2011	2012	2013
Haushaltsfinanziertes Personal/ Budget funded staff	343	337	337
Drittmittelfinanziertes Personal/ Third-party funded staff	162	181	161
Auszubildende/ Trainees	25	21	20
	<b>530</b>	<b>539</b>	<b>518</b>

Die Ausbildung des **wissenschaftlichen Nachwuchses und die Karriereförderung** werden am IPK als zentrale Aufgaben wahrgenommen. Zahlreiche Studenten, Doktoranden und Gäste sind in die Forschungsgruppen des IPK integriert und werden im Rahmen ihres Studiums und ihrer wissenschaftlichen Arbeiten betreut und unterstützt. Ergänzend zur bestehenden strukturierten Doktorandenbetreuung am IPK wurde gemeinsam mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (MLU) erfolgreich eine Graduiertenschule eingerichtet. Mittelfristig sollen über ein Rahmenprogramm Elemente aus der Graduiertenschule in das Doktorandenprogramm überführt und versteigt werden.

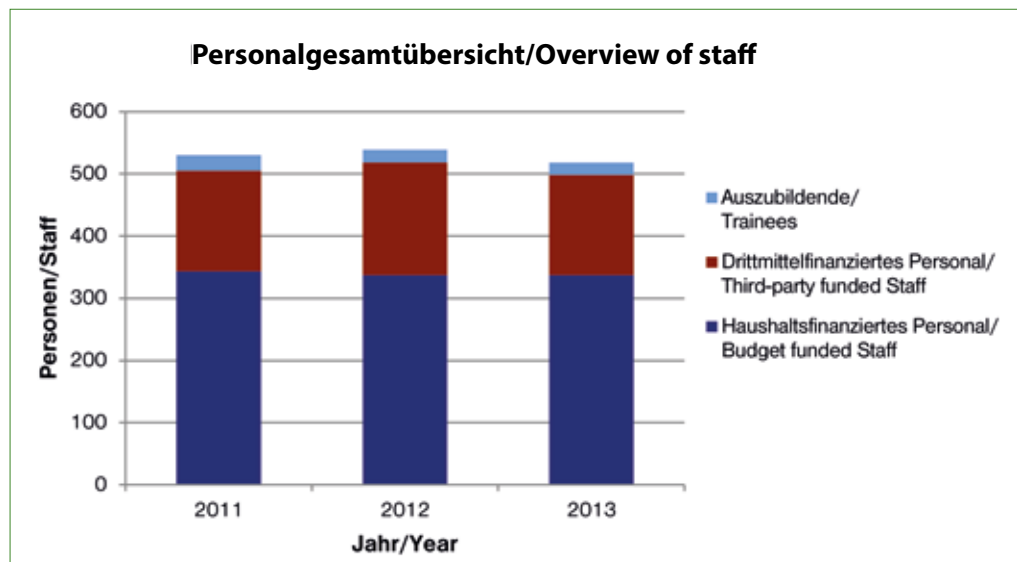
Tabelle 1: Nachwuchsförderung im wissenschaftlichen Bereich (Stand: 31.12.2013)

	2011 (Frauen)	2012 (Frauen)	2013 (Frauen)
Doktorand/-innen	62 (23)	74 (30)	63 (27)
Gastdoktorand/-innen	22 (12)	31 (17)	30 (17)
Wissenschaftliche/ studentische Hilfskräfte	25 (10)	19 (6)	17 (7)
<b>Gesamt</b>	<b>109 (45)</b>	<b>124 (53)</b>	<b>110 (51)</b>

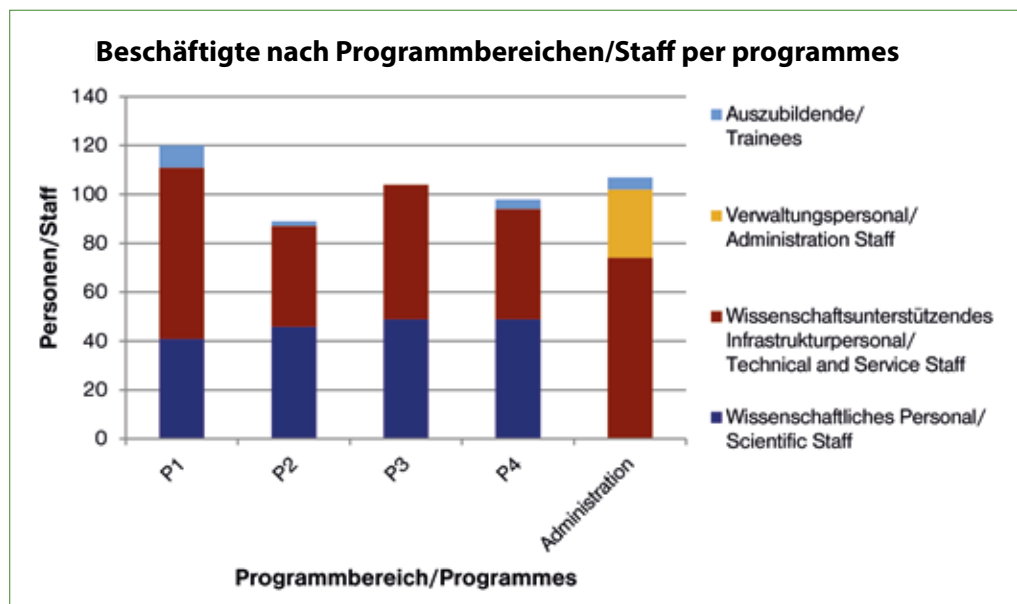
Je ein Doktoranden- und Postdoc-Board fördern den Austausch innerhalb dieser beiden Wissenschaftlergruppen. Zum anderen erfolgen kontinuierliche Treffen beider Boards mit dem Direktorium, um Wünsche, Erwartungen und Herausforderungen sowie spezifische Handlungsfelder aufzudecken sowie Maßnahmen und Ziele gemeinsam zu diskutieren, weiterentwickeln und umzusetzen. Weitere Bestandteile innerhalb der Nachwuchs- und Karriereförderung am IPK sind Seminare, Lehrveranstaltungen und Praktika, eine jährlich stattfindende Studentenkonzferenz sowie die gezielte Beteiligung an wissenschaftlichen Fachveranstaltungen und Kongressen.

Für das IPK bedeutet **Nachwuchsförderung** auch ein entsprechendes Engagement in der beruflichen Aus- und Weiterbildung. So wurde am IPK ein Programm zur internen Weiterbildung des technischen und nicht-wissenschaftlichen Personals etabliert. In der Weiterentwicklung wird ein strukturiertes Aus- und Weiterbildungsmanagement angestrebt.

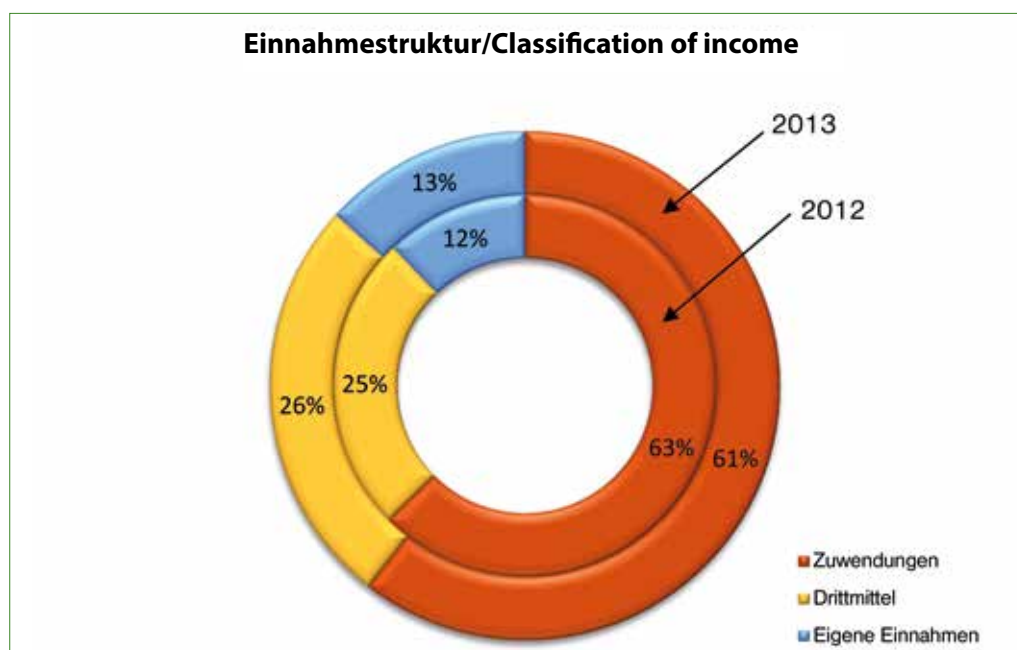
Auch im Bereich der Berufsausbildung hat das Institut mit insgesamt 16 (2012: 18) Ausbildungsplätzen in verschiedenen Berufen und vier dualen Studenten ein hohes Niveau weiterhalten können. Mit stetig über 20 Auszubildenden in insgesamt sieben Berufsfeldern bildet das IPK bereits seit mehreren Jahren weit über den eigenen Bedarf hinaus aus und liegt mit einer Ausbildungsquote (Ausbildungsplätze bezogen auf die Anzahl der sozialversicherungspflichtigen Beschäftigten) von rund 4 % (Stand 31. Dezember 2013) etwas über der Durchschnittsquote aller Einrichtungen der Leibniz-Gemeinschaft. Darüber hinaus ist das IPK bestrebt, alternative Wege aufzudecken und in Kooperation mit den regionalen Hochschulen vermehrt auch Ausbildungsplätze im Rahmen dualer Studiengänge anzubieten. Entsprechende Ausbildungsplätze für den dualen Bachelor-Studiengang „Biotechnologie“ an der Hochschule Anhalt (FH) in Köthen werden am IPK seit 2011 angeboten. Die Studierenden absolvieren im Institut den praktischen Teil ihrer Ausbildung.



**Abb. 4**  
Personalentwicklung  
(Stand: 31. Dezember 2013).  
**Fig. 4**  
Development of staff  
(as of 31<sup>st</sup> December 2013).



**Abb. 5**  
Beschäftigte nach Programmen  
(Stand 31. Dezember 2013).  
**Fig. 5**  
Program staff (as of 31<sup>st</sup> December 2013).



**Abb. 6**  
Entwicklung der Gesamteinnahmen.  
**Fig. 6**  
Development of total revenues.

Tabelle 2: Auszubildende (Stand: 31.12.2013)

Art der Ausbildung	Anzahl der Auszubildenden		
	2011	2012	2013
Biologielaborant/-in	11	10	9
Bürokauffrau/-mann	3	1	1
Gärtner/-in für Gemüsebau	3	2	1
Fachangestellte/-r für Medien- und Informationsdienste	1	1	1
Köchin/Koch	2	2	2
Fachinformatiker/-in Systemintegration	2	2	2
Duales Studium	3	3	4
<b>Gesamt</b>	<b>25</b>	<b>21</b>	<b>20</b>

Das Hauptforschungsobjekt „Kulturpflanze“ erfordert einen hohen gärtnerischen und technischen Betreuungsaufwand. Hierfür stehen den Wissenschaftlern entsprechende Fachkräfte zur Seite. Die Verteilung der Stellen auf die jeweiligen Programme zeigt die folgende Übersicht und die Abb. 5:

Programm 1 (P1):	Management, Analyse und Evolution pflanzengenetischer Ressourcen
Programm 2 (P2):	Cyto-molekulare Genomanalyse
Programm 3 (P3):	Molekulare Entwicklungsphysiologie
Programm 4 (P4):	Angewandte Zellbiologie
Administration	Wissenschaftliche Dienstleistungen, Zentrale Dienste, Verwaltung, Geschäftsführung und Stabsfunktionen einschließlich Sekretariate

Die Förderung und Umsetzung der **Chancengleichheit** stehen im Fokus des IPK und verschiedene Elemente sind bereits strukturell verankert. Des Weiteren hat das IPK für eine Steigerung der Frauenanteile flexible Zielquoten im Sinne des Kaskadenmodells der forschungsorientierten Gleichstellungsstandards der DFG definiert und strebt deren Umsetzung im Zeithorizont bis 2017 an.

Zur Umsetzung der Zielsetzungen für mehr Chancengleichheit in der Wissenschaft stellt das IPK die folgenden Handlungsfelder in den Fokus und wird diese weiter und verstärkt verfolgen: Vereinbarkeit von Beruf und Familie:

- Seit März 2010 ist das IPK gemäß Audit „berufundfamilie“ zertifiziert. Die kontinuierliche, zielorientierte Weiterentwicklung wurde durch die positive Bewertung der Jahresberichte 2011 und 2012 bestätigt. Die Reauditierung ist Anfang 2013 erfolgreich verlaufen.

Nachwuchsförderung in der Wissenschaft:

- Doktorandenprogramm und Graduate School des IPK gemeinsam mit der MLU Halle.
- Doktoranden- und Postdoc Board zum kontinuierlichen Austausch.

Erhöhung des Frauenanteils in wissenschaftlichen Leitungsfunktionen:

- Strukturierte Personalentwicklungsplanung → Transparente Verfahren der Personalgewinnung (z. B. gezielte Markterkundung bei Stellenausschreibungen durch die Nutzung von Datenbanken, Direktsprache und Nachwuchs).
- Verstärkte Nutzung des Leibniz-Mentoring-Programms.
- Berücksichtigung unterschiedlicher Lebensphasen und Karrierestufen (z. B. Unterstützung von Paaren → Dual Career-Angebote).
- Anstreben eines angemessenen Anteils von Frauen in Auswahlkommissionen bzw. Gutachtertteams.
- Gezielt Frauen/Wissenschaftlerinnen für Positionen in den Gremien gewinnen (z. B. Stiftungsrat, Wissenschaftlicher Beirat und Genbank-Beirat).

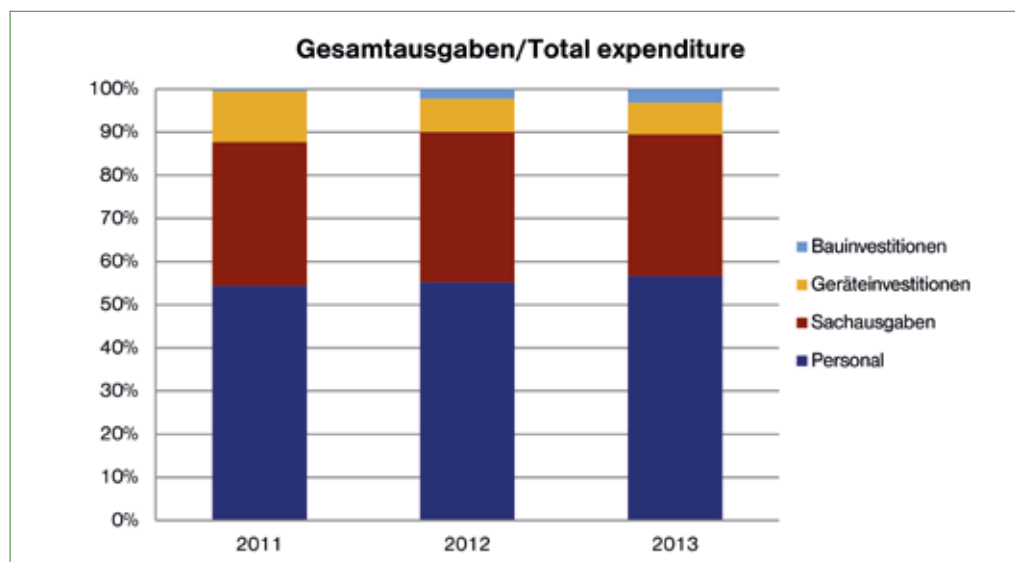
## Programmbudget

Seit der Einführung der Programmbudgets an Stelle der Wirtschaftspläne werden die Einnahmen und Ausgaben für die Programme ungeachtet der Mittelherkunft betrachtet. Dem IPK standen 2013 insgesamt 45.749 TEUR (2012: 41.862 TEUR) für eigene Ausgaben, d. h. ohne Einnahmen für Partner und ohne Einbehalte für Baumaßnahmen, zur Verfügung. In 2013 betragen die Zuwendungen im Rahmen der Grundfinanzierung 27.693 TEUR (2012: 26.197 TEUR). Darin enthalten waren 95 TEUR Betriebsmittel als Ausgabereserve für das WGL-Wettbewerbsprojekt (2012: 662 TEUR; s. Abb. 6, S. 19).

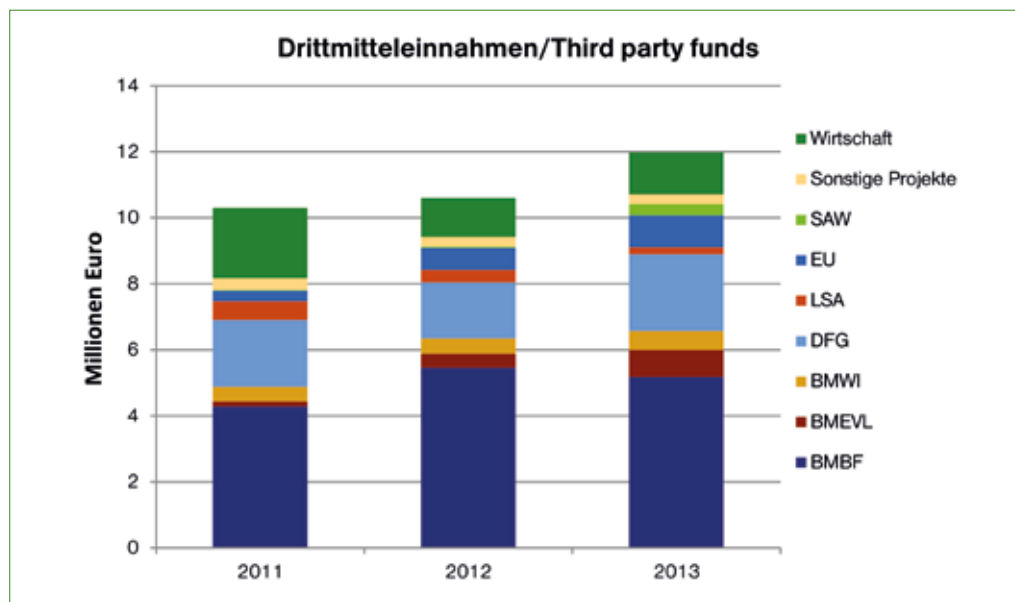
Auf der Seite Mittelverwendung entfielen rund 58 % der Gesamtausgaben auf den Personalbereich. Der Anstieg bei den Betriebsausgaben war vorrangig auf die Tarifierhöhung sowie auf die Kostensteigerung bei den Bewirtschaftungskosten zurückzuführen. Die Struktur der Gesamtausgaben 2011 bis 2013 ist in Abb. 7, S. 21 dargestellt:

## Drittmiteleinnahmen

In 2013 wurden für 173 Projekte (2012: 167) Einnahmen (ohne Partner) in Höhe von insgesamt 11.985 TEUR (2012: 10.603 TEUR) erzielt. Hauptzuwendungsgeber waren das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) und die Europäische Union. Die Einnahmen vom BMBF resultierten überwiegend aus dem neuen Rahmenprogramm „Biotechnologie – Chancen nutzen und gestalten“ sowie aus dem Großprojekt „Deutsches Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk (DPPN)“, in dem in Gatersleben einer von drei Knoten aufgebaut wird. Der in 2012 ersichtliche Rückgang bei den Einnahmen von der DFG wegen Nichtbedienung der Mittelansforderungen für die letzten zwei Monate des Haushaltsjahres wurde in 2013 ausgeglichen, so dass für die Zuwendungen von der DFG der jährliche Durchschnitt bei 2.017 TEUR liegt. Neben den Einnahmen für das IPK wurden 235 TEUR (Vorjahr 160 TEUR) für Partner eingenommen und weitergereicht. Die Entwicklung der Einnahmen für Projekte von 2011 über 2012 bis 2013 ist in folgender Tabelle und Abb. 8, S. 21 dargestellt:



**Abb. 7**  
Struktur der Gesamtausgaben.  
**Fig. 7**  
Development of total expenditure.



**Abb. 8**  
Entwicklung der Drittmittelannahmen nach Mittelherkunft ohne Anteil für Partner.  
**Fig. 8**  
Development of third party funds excl. partner shares (source of funds).

Tabelle 3: Entwicklung der Zuwendungen (Angaben in TEUR)

	2011	2012	2013
Bundesministerium für Bildung und Forschung	4.289	5.469	5.179
Bundesministerium für Ernährung, Verbraucherschutz und Landwirtschaft	148	410	817
Bundesministerium für Wirtschaft	441	464	581
DFG	2.036	1.698	2.318
Land Sachsen-Anhalt	551	382	210
EU	326	667	972
SAW-Leibniz-Wettbewerb	28	44	341
Sonstige Projekte	356	286	285
Wirtschaft	2.128	1.183	1.282
<b>Gesamt</b>	<b>10.303</b>	<b>10.603</b>	<b>11.985</b>

## Technologietransfer

Im Jahr 2013 wurden zwei Erfindungen durch Wissenschaftler des IPK gemeldet, die vom Institut bis zum Jahresende auch in Anspruch genommen worden sind. Im gleichen Zeitraum wurden drei neue Patentanmeldungen durch das Institut vorgenommen.

Das IPK verfügte damit zum Jahresende 2013 über 23 Betriebsgeheimnisse und war als alleiniger oder Mitmelder an 31 Patentfamilien mit Anmeldungen in Deutschland und im Ausland beteiligt. Daneben sind IPK-Erfinder an 20 Patentfamilien beteiligt, die durch Industriepartner im Rahmen von FuE-Verträgen angemeldet wurden.

In 2013 ging das Institut insgesamt 30 projektorientierte Forschungs- und Entwicklungsverträge, davon 1 Konsortial- und 5 Rahmenverträge sowie 6 Unteraufträge ein. Außerdem wurden im Jahr 2013 24 Materialtransfer- und Geheimhaltungsvereinbarungen (exklusive der Abteilung Genbank) mit in- und ausländischen Forschungseinrichtungen sowie Wirtschaftsunternehmen abgeschlossen.

## Informationen zur Infrastruktur

Die Forschungsarbeiten am IPK fokussieren immer stärker auf die Untersuchung von Kulturpflanzen, die im mittleren und Hochdurchsatz untersucht und dafür angebaut werden müssen. Hierbei nehmen insbesondere die Experimente zu, die große Populationen von Hunderten bis Tausenden verschiedenen Pflanzen umfassen. Dies lässt die Ansprüche an die Gewächshausflächenstärke und an die Freiflächen rapide anwachsen. Um dem zu begegnen, wurden folgende Maßnahmen ergriffen:

Tabelle 4: Baumaßnahmen in 2012/2013

Lfd. Nr.	Maßnahme	2012 Kosten (TEUR)	2013 Kosten (TEUR)
01	Sanierung Gewächshaus 2052, Genbank	345,0	–
02	Ersatzneubau Gewächshaus 2351, Friedrich-Miescher-Haus	520,0	749,0
03	Pflanzenkulturhalle	–	300,0
04	Klimazelle Saatgutlager Gebäude 1601	62,0	–
05	Technische Kühlung Gewächshaus 0557	45,0	–
06	11 Kleingewächshäuser	55,0	15,0
07	Umbau Pforte Nord/ Empfangsgebäude	–	226,0

Mit der Grundsanierung des Gewächshauses 2052 und dem Ersatzneubau des Gewächshauses 2351 wurden die bautechnischen und energetischen Voraussetzungen geschaffen, um Kulturpflanzen kontinuierlich und unter definierten Anzucht- und Versuchsbedingungen ganzjährig zu kultivieren und zu reproduzieren.

Das Gebäude „Pflanzenkulturhalle“ befindet sich derzeit in der Planungsphase und wird voraussichtlich im 2. Halbjahr 2015 für erste wissenschaftliche Experimente zur Verfügung stehen. Zur weiteren Verbesserung der Voraussetzungen für einen optimalen wissenschaftlichen Betrieb wurden für zusätzliche Freisetzungsversuche 11 Kleingewächshäuser errichtet.

Im Gewächshaus 0557 wurde die Kabine 14 klimatisiert. Durch die Installation einer Klimazelle im Gebäude 1601 und der Errichtung einer Rollregalanlage im Gebäude Genetik Trakt B wurden zusätzliche Lagerungsmöglichkeiten für Saatgut geschaffen.

Mit dem Umbau der Pforte Nord (Gebäude 0101) wurde ein repräsentatives Empfangsgebäude mit Wartezone für den Besucher- und Lieferverkehr des IPK geschaffen.

Ausgehend vom genehmigten Raumprogramm (Stand: 10. Juni 2013) mit 21.939 m<sup>2</sup> Hauptnutzfläche (HNF) hat das IPK dem Ministerium für Wissenschaft und Wirtschaft des Landes Sachsen-Anhalt eine gebäudeunabhängige Raumbedarfsplanung übergeben und zur Genehmigung beantragt. Als Flä-

chenbedarf wurden 25.397 m<sup>2</sup>, das sind 3.458 m<sup>2</sup> wissenschaftlicher Mehrbedarf, ermittelt. Das Umsetzungskonzept sieht die Wiederaufnahme abgängiger Gebäude für einfache Nutzflächen sowie den Erwerb der *SunGene*-Liegenschaft für qualitativ anspruchsvolle Flächen vor. Damit ergibt sich ein Raumbedarf für das IPK von

insgesamt **25.397 m<sup>2</sup> Hauptnutzflächen (HNF)** (gerundet)  
davon 18.828 m<sup>2</sup> HNF in Labor- und Bürogebäuden  
6.569 m<sup>2</sup> HNF in Gewächshäusern (einschließlich Pflanzenkulturhalle).

## Versuchsfeld und Gärtnerei

Im Bereich Physiologie und Zellbiologie wurde im Berichtszeitraum ein Kabinengewächshaus als Ersatzneubau errichtet. Das Gewächshaus ersetzt zwei alte Häuser und verbessert die Ausstattung des IPK mit hochwertiger Versuchsfläche. Die Installation von LED-Beleuchtung in einer Kabine des neuen Gewächshauses ermöglicht Versuche mit unterschiedlichen Lichtintensitäten und Spektralbereichen und erlaubt Aussagen über energetische Aspekte.

Die Ausstattung der Feldversuchstechnik konnte ebenfalls erheblich verbessert werden. Für die Durchführung von Nährstoffversuchen wurde ein Tiefendüngungsgerät so angepasst, dass Düngebänder in verschiedenen Bodentiefen abgelegt werden können. Die Parzellendrifttechnik wurde mit einer automatischen Steuerung versehen und ein neuer leistungsstärkerer Geräteträger eingesetzt. Das Verfahren verbessert die Effektivität der Versuchsfeldbewirtschaftung und trägt dem erheblich gestiegenen Umfang der Feldversuche Rechnung.

## Informationstechnologie

Der Aufbau moderner Hochdurchsatz-Phänotypisierungsmethoden, die Ausweitung der New-Generation-Sequenzierung (NGS) bzw. der Fortschritt im Bereich Metabolit- und Proteinanalytik in den wissenschaftlichen Arbeitsgruppen stellen wesentliche Gründe für die weiter steigenden Anforderungen an eine leistungs- und funktionsfähige Informationstechnologie (IT) dar. Der IT-Service in der Arbeitsgruppe „Bioinformatik und Informationstechnologie – BIT“ hat das Ziel, diese Anforderungen aus der Wissenschaft an die zentralen IT-Dienste mit hoher Qualität kontinuierlich zu erfüllen.

Die Ansprüche der Nutzer an eine flexible und sichere Netzwerkanbindung steigen. Das W-LAN des Instituts wurde daher neu konzipiert und besser in das Institutsnetz integriert. In den kommenden Jahren soll das W-LAN, ausgehend von den bestehenden Bereichen mit Netzabdeckung, weiter in der Fläche ausgerollt werden. Über den Beitritt zur „eduroam“-Initiative bietet das IPK auf Gegenseitigkeit freizügigen Zugang zum Internet. Gäste können sich mit einem Nutzer-Account ihrer Einrichtung im W-LAN des IPK anmelden und das Internet nutzen; alle IPK-Mitarbeiter ha-



ben mit ihrem Account weltweit bei vielen Gasteinrichtungen freien Internetzugang. Die Verbindung zum Internet, die aufgrund der Redundanz störungsfrei zu Verfügung stand, wurde in ihrer Bandbreite auf zweimal 200 MBit/s symmetrisch erhöht.

Um die Anforderungen an zentrale IT-Ressourcen – wie Speicher und Serverkapazitäten – weiter befriedigen zu können, wurden aus Investitionsmitteln ein neues zentrales Speichersystem vom Typ „NetApp Filer“ und eine neue Virtualisierungs-Umgebung (VMware) beschafft.

Die Einführung des Laborinformationsmanagementsystems (LIMS) wurde auch im Jahr 2013 weiter vorangetrieben. Mittlerweile sind über 200 Nutzer aus den verschiedensten Arbeitsgruppen im System registriert. Durch die vielseitige produktive Anwendung und vor allem der aktiven Nutzervorschläge zu Verbesserungen/Erweiterungen konnte das System weiter an die Bedürfnisse der Nutzer angepasst werden. Die NGS-Sequenzierung wurde in das System mit der Datenhaltung/Speicherung übernommen und arbeitsgruppenübergreifend eingeführt. Weiterhin konnten neue Arbeitsgruppen in das LIMS eingebunden werden, so z.B. die Arbeitsgruppe Teilsammlungen Nord, die erfolgreich die Lagerung von biologischem Material und auch die Experimentdaten mit dem System verwalten und auswerten. Um das arbeitsgruppenübergreifende Gefahrstoff-/Chemikalienmanagement-System weiterhin auszubauen, wurden Schulungen und inhouse-Kurse angeboten.

### Wissenschaftliche Bibliothek

Die Wissenschaftliche Bibliothek des IPK verfügt über einen Bestand von derzeit 80.116 Medieneinheiten zu den Sammel-schwerpunkten: Molekularbiologie, Pflanzengenetik, Zytologie, Taxonomie und Kulturpflanzenforschung.

Durch die Teilnahme am WGL-Konsortium haben die Wissenschaftler online Zugang zum Springer-Journal-Paket Lebenswissenschaften, es umfasst ca. 450 Titel.

Seit 10 Jahren bezieht man über das WGL-Konsortium die Literaturdatenbank „ISI-Web of Knowledge“ und „JCR Journal citation reports“.

Des Weiteren wurde der Zugang zur Rechtsdatenbank „Beck online“ käuflich erworben, besonders für das Aufgabenspektrum der Arbeitsgruppen Personalwesen und Technologietransfer und Recht.

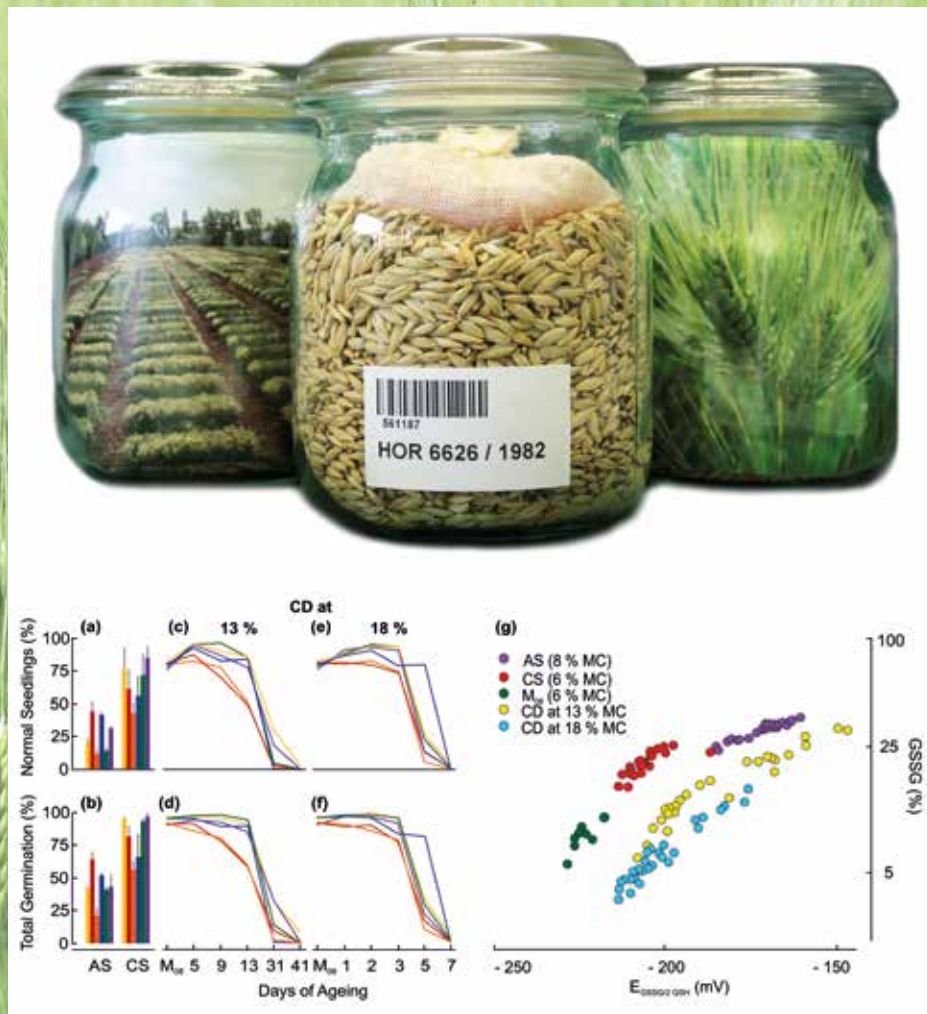
Als öffentliche Bibliothek werden die Bestände auch über das IPK hinaus überwiegend von den auf dem Campus Gatersleben ansässigen Biotechnologiefirmen sowie von Praktikanten des „Grünen Labors“ genutzt. Der Bibliotheksbestand ist im Gemeinsamen Bibliotheksverbund (GBV) sowie in den virtuellen Fachkatalogen (ViFaBio und GreenPilot) bibliographisch nachgewiesen, womit die IPK-Bibliothek ihren Beitrag zur regionalen und überregionalen Literaturversorgung leistet.

Tabelle 5: Leistungen der Wissenschaftlichen Bibliothek des IPK

	2011	2012	2013
Medieneinheiten	78.741	79.366	80.116
Zugang Monographien	307	268	285
Zeitschriftenabonnements	750	653	652
aktive Nutzer	885	863	881
interne Ausleihen	7.077	6.115	6.215
interner Umlaufdienst	3.294	3.010	2.960
Serviceleistungen *		1.764	1.765
Passiver Leihverkehr (Nehmende Fernleihe)	1.367	1.070	1.114
Aktiver Leihverkehr (Gebende Fernleihe)	1.063	1.041	1.060

\* Serviceleistungen sind bearbeitete Anfragen und Bestellungen von IPK-Wissenschaftlern und externen Nutzern

# Abteilung Genbank/ Department of Genebank



**Abb. 9**

Die Langzeiterhaltung von Samen ist von enormer Bedeutung für die Bundeszentrale *Ex-situ*-Genbank in Gatersleben. Dabei beeinflussen insbesondere der Samenfeuchtegehalt (MC), die Temperatur sowie der Genotyp die Alterungskinetik der Samen. Die Abbildung stellt sechs ausgewählte Genotypen der Gaterslebener Gerstenkollektion dar. Die Gersten wurden nach ambienter Lagerung (AS) bei 20 °C und Kühlung (CS) bei 0 °C geprüft (Alter der Genotypen: gelb=13y, rot=10y, orange=11y, blau=9y, grün=11y, violett=13y) auf (a) den Anteil an normalen Keimlingen (% NS) und (b) den Anteil an insgesamt gekeimten Samen (% TG). (c) und (d) zeigen % NS und % TG von frisch vermehrten Samen, welche der kontrollierten Alterung (CD) bei 13 % MC (44 °C) oder (e) und (f) bei 18 % MC (44 °C) zugeführt wurden.  $M_{08}$  entspricht der nicht-gealterten Kontrolle. **Merke:** Die genotypischen Effekte sind über dem gesamten Zeitverlauf der Alterung konstant (z. B. % TG ist bei roten Genotypen zu jedem Zeitpunkt am geringsten). (g) Glutathion (GSH) und das Halbzellen-Reduktionspotenzial ( $E_{GSSG/2GSH}$ ) sind Marker der Lebensfähigkeit.  $E_{GSSG/2GSH}$  wurde gegen den prozentualen Anteil des oxidierten Glutathion (% GSSG) am Gesamtglutathion (GSH+GSSG) aufgetragen und verdeutlicht, dass die verschiedenen Behandlungen in Abhängigkeit von Alterung und Lagerungsregime clustern (M. Nagel).

**Fig. 9**

The ability of seeds to survive long-term storage is of major importance at the Federal *ex situ* Genebank. Thereby, seed moisture content (MC), temperature and genotype affect ageing kinetics. The figure 9 shows six selected genotypes of the Gatersleben barley collection used for the experiment. Seeds were tested after ambient storage (AS) at 20 °C and cold storage (CS) at 0 °C (age of genotypes: yellow=13y, red=10y, orange=11y, blue=9y, green=11y, violet=13y) for (a) percentage of normal seedlings (% NS) and (b) percentage of total germination (% TG). (c) and (d) show % NS and % TG, respectively, of fresh multiplied seeds which were subjected to controlled deterioration (CD) at 13 % MC (44 °C) or (e) and (f) to CD at 18 % MC (44 °C).  $M_{08}$ , non-aged control. **Note** that the genotypic effects are consistent over time of artificial ageing (e.g. the % TGs of the red genotypes are always the lowest at all time points). (g) Glutathione (GSH) and its half-cell reduction potential ( $E_{GSSG/2GSH}$ ) are viability marker.  $E_{GSSG/2GSH}$  was plotted against oxidized glutathione (% GSSG) as a percentage of total glutathione (GSH+GSSG) and shows that the different treatments cluster depending on ageing or storage regime (M. Nagel).

## Abteilung Genbank

Leiter: Prof. Dr. Andreas Graner

### Allgemeine Forschungsziele

Im Mittelpunkt der Abteilung steht die Bundeszentrale *Ex-situ*-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen. Sie ist die größte Genbank in der Europäischen Gemeinschaft und liefert wesentliche Beiträge zur Umsetzung der Nationalen Strategie zur Biologischen Vielfalt und des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen (PGR) landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen. Die Genbank ist auf vielfältige Weise mit dem *European Cooperative Program for Plant Genetic Resources* (ECPGR) verbunden und ist eine zentrale Komponente des europäischen Genbankverbunds AEGIS (A European Genebank Integrated System). Die Abteilung ist in drei Forschungsbereiche gegliedert: In dem Bereich *Charakterisierung und Dokumentation* werden experimentelle Ansätze sowohl auf genomischer als auch auf phänotypischer Ebene eingesetzt, um eine zunehmend wissensbasierte Nutzung von PGR zu ermöglichen. Eine wichtige Rolle spielt dabei der Betrieb und weitere Ausbau von Genbankinformationssystemen. Im Bereich *Taxonomie und Evolution* werden Fragestellungen der Artbildung und Anpassung sowie die Aufklärung taxonomischer Zuordnungen innerhalb ausgewählter Kultur- und Wildpflanzengattungen untersucht. Die Kernaufgaben im Bereich *Management und Evaluierung* umfassen neben der Erhaltung der Genbankkollektionen sammlungsbezogene Forschungsaufgaben zur weiteren Verbesserung des Erhaltungsmanagements.

### Entwicklungen im Berichtszeitraum

#### Sammlungsmanagement

Im Zentrum des Sammlungsmanagements steht der Betrieb der Bundeszentralen *Ex-situ*-Genbank. Sie umfasst zum gegenwärtigen Zeitpunkt 151.379 Akzessionen von 3.220 Arten und 768 Gattungen. Neben den Lebendsammlungen unterhält die Genbank als Referenzzentrum für taxonomische Arbeiten ein Herbarium mit über 427.000 Belegen, 104.000 Referenzmuster von Samen und Früchten sowie von 54.000 Getreideähren.

Der Erhalt der Sammlung erfolgt in Gatersleben und den beiden Außenstandorten Groß Lüsewitz (Kartoffelsortiment, 6.124 Akzessionen) und Malchow (Öl- und Futterpflanzen, 14.271 Akzessionen). Etwa 3.100 Akzessionen werden *in vitro* erhalten, der Großteil entfällt hierbei auf die Mikrokollenerhaltung bei Kartoffel. Zur Absicherung der Lebendsammlung erfolgt der kontinuierliche Ausbau der Cryo-Lagerung der Kartoffelsammlung in flüssigem Stickstoff, der mittlerweile 1.403 Akzessionen umfasst. Weitere Cryo-Kollektionen für *Allium*- und *Mentha*-Arten befinden sich im Aufbau.

## Department of Genebank

Head: Prof. Andreas Graner

### General research goals

The Federal *ex situ* Genebank for agricultural and horticultural crops takes centre stage in the Department. It represents the largest Genebank within the 28 EU member states and forms an essential component for the implementation of both national and international policy on conservation and sustainable utilization of plant genetic resources (PGR). At the European level, the Genebank is embedded in the *European Cooperative Program for Plant Genetic Resources* (ECPGR) and forms a major component of the European Integrated Genebank system (AEGIS). The overriding challenges comprise preservation of the collection, the distribution of PGR, and research pertaining to conservation and utilization of crop plant diversity. The department is structured in three research programmes. The first one, *Characterisation and Documentation*, focusses on exploration of the genetic basis of phenotypic variation of a series of agronomic traits, to pave the road towards knowledge based utilization of PGR. This also includes the development of an IT infrastructure to manage the wealth of PGR related information. The research programme *Taxonomy and Evolution* mainly uses phylogenetic approaches to study speciation and adaptation as well as taxonomic ordering within selected genera of wild species and crop plants. The core activities within the programme *Management and Evaluation* comprise the conservation management of the various collections of the Genebank and research related to its further improvement.

### Developments in the reporting period

#### Management of the *ex situ* collection

The Federal *ex situ* Genebank comprises 151,379 accessions from 3,220 species and 768 genera. Besides this living collection the Genebank maintains a herbarium which serves as reference centre for taxonomical studies and holds more than 427,000 voucher specimen as well as a collection of 158,000 reference samples of seeds, spikes and fruits.

The genebank collections are maintained in Gatersleben and two satellite stations located at the Baltic Sea, Groß Lüsewitz (potato assortment, 6,124 accessions) and Malchow (oil and forage crops, 14,271 accessions). About 3,100 accessions are preserved *in vitro*, the majority representing microtubers of potato accessions. As a safety backup of this living collection a cryo-collection of potato is continuously extended and currently comprises 1,403 accessions. Further cryo-collections of garlic (*Allium sativum*) and *Mentha* are under development.

About 4 % of the collection is maintained/propagated vegetatively, the rest is conserved as seeds. Each season about 5 % of

Etwa 4 % der Sammlung werden vegetativ erhalten, der Rest wird über Samen vermehrt. Der jährliche Vermehrungsanbau im Feld und Gewächshaus beträgt etwa 5 % der Samenträger, woraus sich eine mittlere Einlagerungszeit von 20 Jahren ableiten lässt.

Zur Absicherung der weltweit in Genbanken gelagerten Saatgutbestände eröffnete der *Global Diversity Trust* im Jahr 2008 im Permafrostboden von Spitzbergen ein Langzeitlager. Das IPK nutzt diese Möglichkeit zur Einlagerung von Sicherheitsduplikaten, die im Zuge der Saatgutvermehrung erstellt und anschließend in dem *Global Seed Vault* eingelagert werden.

In den beiden vergangenen Jahren wurden zusammen über 66.000 Muster abgegeben. Seit 1952 hat die Genbank insgesamt 894.310 Muster an Nutzer im In- und Ausland bereitgestellt.

Im Berichtszeitraum stellten Privatpersonen mit insgesamt 29.096 Akzessionen die größte Nutzergruppe von Genbankmaterial dar, gefolgt von Forschungseinrichtungen (19.756) und Pflanzenzüchtern (9.413). 26.709 Muster (40 %) wurden an Nutzer im Ausland abgegeben. Sämtliche Abgaben erfolgen im Rahmen der Standard-Material-Transfer-Vereinbarung (SMTA) der FAO. Sortimentsumfänge und Abgaben sind Tabelle 6, S. 27 zu entnehmen.

Seit 2007 verfügt die Genbank über ein Qualitätsmanagementsystem nach DIN EN ISO 9001:2008. Dieses sichert einen hohen fachlichen Standard bei den Vermehrungs- und Erhaltungsarbeiten, gewährleistet Transparenz und Nachvollziehbarkeit der Arbeitsprozesse und liefert damit die Grundlage für die nachhaltige Sicherung des für die Sortimentserhaltung notwendigen Know-how.

### Forschung

Die Forschungsarbeiten umfassen sowohl sammlungsbezogene als auch nutzungsbezogene Themen. Ziel der sammlungsbezogenen Forschung ist ein verbessertes Erhaltungsmanagement. Die nutzungsbezogenen Forschungsarbeiten konzentrieren sich auf die Entwicklung von Ressourcen und innovativen Ansätzen zur Inwertsetzung der Gaterslebener Sammlung für Forschung und Züchtung. Eine Mittelstellung zwischen den beiden genannten Themen nehmen die Forschungsarbeiten zur Kulturpflanzentaxonomie und -evolution ein. Dort werden in erster Linie Fragestellungen aus dem Bereich der Grundlagenforschung bearbeitet.

Im Forschungsbereich **Taxonomie und Evolution** erfolgt die Untersuchung von Artbildungsprozessen und die Aufklärung taxonomischer Beziehungen innerhalb ausgewählter Pflanzengattungen. Eine umfassende phylogenetische Analyse der Gattung *Crocus*, in der sich mit *C. sativus* auch eine wichtige Gewürzpflanze befindet, führte zu einer völligen Revision der bisherigen Taxonomie, in deren Ergebnis die Anzahl der bisher beschriebenen Arten sich nahezu verdoppelte.

the total collection are being multiplied, resulting in an average storage time of about 20 years.

In order to increase the safety of the 7.4 million-odd seed samples worldwide maintained in genebanks, the Global Diversity Trust opened up in 2008 a long term storage facility established under permafrost conditions on the Norwegian island of Svalbard. IPK embraces the opportunity to store safety duplicates in this location. These are being generated in the course of seed multiplication to be subsequently transferred to the Global Seed Vault.

In the past two years more than 66,000 seed and tuber samples were distributed, the total number of accessions that were distributed since 1952 now amounting to 894,310.

In the reporting period, private persons receiving a total of 29,096 accessions represented the largest user group, followed by research institutes (19,756) and plant breeders (9,413). 26,709 accessions (40 %) were shipped abroad. All samples are distributed based on the conditions enshrined in the Standard Material Transfer Agreement of FAO. Further information on the collection and the distribution of accessions is given in Table 6 (p. 27).

In 2007 the Genebank has established a Quality Management System (QM) according to DIN EN ISO 9001:2008. It documents and surveys all core processes pertaining to the conservation management. The QM warrants transparency and traceability of all relevant steps and provides the basis for the sustainable preservation of the ample know how required for the conservation management.

### Research

The research programme covers two major areas: one addresses issues related to the conservation of PGR while the other aims at enhancing the utilization PGR for research and breeding with specific emphasis on cereal crop species. Research into taxonomy form a nexus between these two research areas.

The programme **Taxonomy and Evolution** deals with questions regarding speciation, radiation and adaptation as well as elucidation of taxonomic relationships within selected genera. A comprehensive phylogenetic analysis of the genus *Crocus*, with *C. sativus* as an important spice plant, resulted in a thorough revision of the existing classification by nearly doubling the number of species.

Not least because of the agronomic importance of barley (*Hordeum vulgare*) the genus *Hordeum* is of central importance for this program. It is coined by an extraordinary diversity regarding genome structure (diploid, tetraploid, hexaploid species), life cycle (annual, perennial), mating system (inbreeding, outbreeding) and the adaptation of its species to a variety of diverse habitats. Sequence analysis of defined gene regions yields important clues regarding the evolution of different species and their adaptation to a range of biotic and abiotic stresses.

Tabelle/Table 6. Übersicht zum Bestand und zu den Abgaben der Genbank nach Fruchtarten/Overview of the collection and distribution by crop species

Sortimente	Assortments	Bestand/ Accessions	Abgaben/Distribution	
			2012	2013
<b>Getreide und Gräser</b>	<b>Cereals and Grasses</b>	<b>65876</b>	<b>6904</b>	<b>8455</b>
Weizen	wheat	28118	3401	4238
Gerste	barley	23673	1312	2326
Hafer	oat	4835	535	162
Roggen	rye	2414	368	460
Triticale	Triticale	1581	34	13
Mais	maize	1542	438	261
<i>Aegilops</i>	<i>Aegilops</i>	1531	204	490
Hirsen	millet	844	210	215
Sonstige Gräser	other grasses	1338	402	290
<b>Leguminosen</b>	<b>Legumes</b>	<b>28046</b>	<b>3186</b>	<b>3427</b>
<i>Phaseolus</i>	<i>Phaseolus</i>	9076	844	533
Erbsen	pea	5308	431	720
Ackerbohnen	field beans	3152	208	216
Lupinen	lupines	2772	154	111
Wicken	vetches	1868	133	166
Kleearten	clover species	1940	330	317
Sojabohnen	soybeans	1503	696	802
Bohnen-Sonderkulturen	other beans	622	92	109
<i>Lathyrus</i>	vetchling	522	72	115
Kichererbsen	chickpea	528	27	81
Linsen	lentils	474	146	142
Sonstige	others	281	53	115
<b>Cucurbitaceae</b>	<b>Cucurbitaceae</b>	<b>2678</b>	<b>1726</b>	<b>1450</b>
Kürbisse	pumpkins	1091	812	638
Melonen	melons	726	264	213
Gurken	cucumbers	706	550	529
Sonstige	others	155	100	70
<b>Gemüse (+Rüben)</b>	<b>Vegetables</b>	<b>18834</b>	<b>12229</b>	<b>7704</b>
Tomaten	tomatoes	3689	2447	1450
<i>Allium</i>	<i>Allium</i>	3203	654	432
<i>Beta</i>	<i>Beta</i> beets	2316	1215	474
<i>Brassica</i>	<i>Brassica</i>	2193	1476	922
Paprika	pepper	1532	2766	1052
Salat	lettuce	1126	456	332
<i>Quinoa</i>	<i>Quinoa</i>	953	66	39
<i>Raphanus</i>	<i>Raphanus</i>	750	614	487
Zichorie	chicory	687	349	78
Möhren	carrots	494	519	367
Sellerie	celery	252	140	141
Spinat	spinach	214	155	262
Sonstige	others	1425	1366	1668
<b>Öl-, Faser-, Farbpflanzen</b>	<b>Oil, Fibre, Dye Plants</b>	<b>5510</b>	<b>1358</b>	<b>1314</b>
Lein	flax	2326	110	116
Sonnenblumen	sunflower	689	283	207
Ölpflanzen	oil plants	552	97	370
Farbpflanzen	dye plants	470	277	345
Faserpflanzen	fibre plants	190	139	61
Sonstige	others	1283	452	215
<b>Arznei-, Gewürzpflanzen</b>	<b>Medicinal, Spice Plants</b>	<b>8278</b>	<b>4673</b>	<b>3963</b>
Mohn	poppy	1148	272	223
Tabak	tobacco	590	290	332
Sonstige	others	6540	4111	3408
<b>Mutanten</b>	<b>Mutants</b>	<b>1762</b>	<b>1024</b>	<b>332</b>
Soja	soybean	567	31	140
Tomaten	tomato	744	168	169
<i>Antirrhinum</i>	<i>Antirrhinum</i>	451	825	23
<b>Kartoffeln</b>	<b>Potatoes</b>	<b>6124</b>	<b>2211</b>	<b>2265</b>
<b>Öl- und Futterpflanzen</b>	<b>Oil and Forage Crops</b>	<b>14271</b>	<b>2564</b>	<b>1285</b>
Gräser	grasses	10464	688	539
Raps und Futterkohl	rapeseed, feeding kale	2481	1609	675
Rotklee und Luzerne	red clover, alfalfa	1326	267	71
<b>Gesamt/Total</b>		<b>151379</b>	<b>35875</b>	<b>30195</b>

Im Zentrum der Arbeiten des Forschungsbereichs steht jedoch die Gattung *Hordeum*. Diese ist aufgrund der großen Bedeutung der Kulturgerste (*Hordeum vulgare*) in der landwirtschaftlichen Praxis und für die Forschungsarbeiten am Institut von besonderem Interesse. Sie ist durch eine außerordentlich hohe evolutionäre Vielfalt bezüglich der Genomstruktur (diploide, tetraploide, hexaploide Arten), des Lebenszyklus (annuell, perennierend), der Fortpflanzungsbiologie (Selbstbefruchter, Fremdbefruchter) und der Anpassung an unterschiedliche Habitate gekennzeichnet. Die Sequenzierung definierter Genregionen liefert wichtige Hinweise zur Entstehungsgeschichte einzelner Arten und zu Erforschung der Anpassungsmechanismen an Umwelten, die durch unterschiedliche biotische und abiotische Stressfaktoren gekennzeichnet sind.

Die Forschungsarbeiten im Bereich **Management und Evaluierung** zielen auf die weitere Verbesserung des Erhaltungsmanagements vegetativ bzw. generativ vermehrter Sammlungsmuster ab. Im Hinblick auf Erstere wird neben dem Ausbau der Cryo-Sammlung von Kartoffelmustern an der weiteren Optimierung der Cryo-Konservierung von Gewebeexplantaten verschiedener Pflanzenarten sowie an der Konservierung von Pollen gearbeitet.

Der für samenbürtige Arten erforderliche Erhaltungsaufwand stellt unter anderem eine Funktion der maximalen Einlagerungsdauer von Saatgut dar. Diese ist das Ergebnis des Zusammenwirkens einer Vielzahl innerer und äußerer Faktoren, deren Aufklärung für die Verbesserung des Erhaltungsmanagements von essenziellem Interesse ist. Besondere Bedeutung fällt der Entwicklung von Schnelltests für die kontrollierte Saatgualterung zu. Diese liefern nach kurzer Behandlungsdauer ein realistisches Abbildbild des Keimfähigkeitsverlaufs unter den Bedingungen der Langzeitlagerung im Samenkühllager (s. Abb. 9, S. 24). Gemeinsam mit der Identifizierung entsprechender Biomarker werden so die Durchführung von genetischen Untersuchungen zur Langlebigkeit von Saatgut sowie die Aufklärung physiologischer Prozesse ermöglicht, welche die Langzeitlagerung von Saatgut beeinflussen.

Der Wert einer genetischen Ressource ist eine Funktion ihrer Verfügbarkeit und den akzessionsspezifischen Informationen. Der Forschungsbereich **Charakterisierung und Dokumentation** befasst sich mit der Untersuchung von Genbankmaterial auf DNA-Ebene sowie mit der Entwicklung und Pflege von Datenbanken zur Speicherung und Bereitstellung von genbankbezogenen Daten. Eine wichtige Rolle fällt dem Genbank-Informationssystem (GBIS) zu, welches sämtliche Prozesse des Erhaltungsmanagements und des Bestellwesens abbildet und in zunehmendem Maße weiterführende Informationen bereitstellt.

Wichtige Voraussetzung für die verbesserte Nutzbarmachung der in den IPK-Sammlungen vorhandenen genetischen Diversität sind Informationen zur Struktur und Funktion von Genen, welche an der Ausprägung agronomischer Merkmale beteiligt sind. Entsprechende Forschungsarbeiten konzentrieren sich auf Merkmalskartierung und Genklonierung bei Gerste und

Research within the programme **Management and Evaluation** centers on further optimization of the conservation management for both vegetatively maintained and seed borne accessions. Regarding the former, the activities focus on further completion of the potato-cryo collection, the establishment of cryo-storage protocols for additional species. Regarding cryo-conservation of pollen samples a procedure was established that yields high *in vitro* germination and *in vivo* fertilization rates.

Time and effort required for the conservation of seed borne species is critically dependent on storage time and thus seed longevity. The latter is the result of the interaction of a multitude of intrinsic and external factors. Their identification and manipulation is of crucial importance for further improvement of the conservation process. The corresponding research activities aim at development of experimental procedures to mimic aging of seeds in a time lapse (cf. Fig. 9, p. 24). Along with the identification of appropriate biomarkers the establishment of such tests provides the groundwork for genetic studies on seed longevity and for the identification of physiological processes that impinge on long term storage of seeds.

The value of a given genetic resource is reflected by the ease of access and the availability of context specific information. To address this issue, the programme **Characterization and Documentation** deals with genetic characterization of genebank material at the DNA level and the development and curation of databases with PGR related information. The Genebank Information System (GBIS) maps all processes and documents information related to conservation management and the distribution of material. In addition GBIS represents an interface for exchange of data with national and international databases.

Information on position, structure and function of genes involved in the expression of agricultural characters and traits represents an important prerequisite for the valorisation of PGR. The corresponding research activities focus on trait mapping and gene isolation, mainly in barley and wheat. Research into gene discovery aims at revealing the genetic architecture of agronomic characters including spike morphology, regulation of flowering time, as well as resistance to barley yellow mosaic virus. Over the past years, an increasing body of sequence information has substantially reduced the amount of resources required for map based cloning of agronomical important genes. Closely interacting with the *International Barley Sequencing Consortium*, which was launched in 2006, a major milestone was reached in 2012 by completing the genomic sequence of the "gene space" and by integrating the sequence information with the physical and genetic maps of the barley genome.

The availability of sequence information for virtually all major crop species now forms a launching pad for the systematic sequence analysis of genebank collections. Against this backdrop, crop genomics will blaze the trail for the further development of the Federal *ex situ* Genebank towards an integrated resource

Weizen. Im Vordergrund stehen die Aufklärung der genetischen Baupläne für Ährenmorphologie, der Steuerung des Blühzeitpunkts sowie der Resistenz gegen den Barley Yellow Mosaic-Viruskomplex. Eine wesentliche Beschleunigung und Erleichterung der zeit- und ressourcenaufwändigen kartengestützten Klonierung agronomisch relevanter Gene stellt die Verfügbarkeit einer genomischen Sequenz dar. Gemeinsam mit den Partnern aus dem *International Barley Sequencing Consortium* wurde der Sequenzierung der Gen-tragenden Bereiche und der Verbindung der Sequenzen mit der genetischen und physischen Karte Ende 2012 ein wichtiger Meilenstein auf dem Weg zu einer Referenzsequenz des Gerstengenoms erreicht.

Die Verfügbarkeit der Sequenzen wichtiger Nutzpflanzengenome bildet den Ausgangspunkt für die systematische Resequenzierung umfangreicher Genbankkollektionen und eröffnet damit neue Wege für den weiteren Ausbau der Bundeszentralen *Ex-situ*-Genbank zu einem Ressourcen- und Informationszentrum für die wissensbasierte Inwertsetzung von PGR. Weitere Einzelheiten zu den aufgeführten Forschungsthemen und damit verbundenen Projekten sind den nachfolgenden Berichten der einzelnen Arbeitsgruppen zu entnehmen.

Andreas Graner, Januar 2014

and information centre for the knowledge based valorisation of PGR. Further details regarding research and service activities of the department will be found in the subsequent reports of the individual research groups.

Andreas Graner, January 2014

# PROGRAMME: CHARACTERISATION AND DOCUMENTATION

## Research Group: Genome Diversity

Head: Prof. Andreas Graner, Dr. Nils Stein

### Scientists

#### *IPK financed*

Aliyeva-Schnorr, Lala (0,50, 15.04.2012-31.08.2013)  
 Ariyadasa, Ruvini Tharanga, Dr. (Pakt für Forschung und Innovation, till 31.12.2012)  
 Kilian, Benjamin, Dr.  
 Pasam, Raj Kishore (0,50, till 30.06.2012)  
 Sharma, Rajiv (0,50, till 30.06.2012)  
 Yang, Ping (0,50, since 01.09.2013)  
 Zhou, Ruonan, Dr. (0,50, 01.06.-31.08.2013)

#### *Grant Positions*

Dhanagond, Sidram (0,50 BMBF)  
 Himmelbach, Axel, Dr. (BMBF)  
 Jost, Matthias (0,50 BMBF)  
 Kilian, Benjamin, Dr. (EU, 01.03.-31.03.2014)  
 Kochevenko, Andriy (BMBF, since 15.10.2012)  
 Neumann, Kerstin, Dr. (BMBF)  
 Perner, Katja (0,50 DFG, since 01.01.2012)  
 Sharma, Rajiv (0,50 DFG, since 01.07.2012)  
 Wabila, Celestine (0,50 SAW-Leibniz Graduate School Gatersleben, since 01.09.2012)  
 Wendler, Neele (0,50 BMBF, since 01.05.2012)  
 Yang, Ping (0,50 BMBF, till 31.08.2013)  
 Zhou, Ruonan, Dr. (EU, till 31.05.2012; 0,75 Industry, 01.06.2012-31.05.2013; since 01.09.2013)

#### *Visiting Scientists/Scholars*

Abdel-Ghani, Adel Hasan, Dr. (DFG-Scholarship, 08.06.-05.09.2012; 07.06.-05.09.2013)  
 Badaeva, Ekatarina, Dr. (BLE-Projekt, 23.08.-03.10.2012)  
 Cakir, Esra (Scholarship of Alexander von Humboldt Foundation, 28.07.2013- 27.08.2013)  
 Hammer, Karl, Prof. (self-financed/IPK, since 15.04.2013)  
 Keilwagen, Jens, Dr. (self-financed, 01.10.2012-30.09.2013)  
 Kurowska, Marzena (IAEA-Fellowship, 01.01.-31.01.2012)  
 Li, Mingjiu (China Scholarship Council-CSC, since 01.01.2012)  
 Lidzbarsky, Gabriel (EMBO short-term scholarship, 01.10.-31.10.2012)  
 Matyszczyk, Isabela (self-financed, 01.03.-17.03.2013; 13.08.-13.09.2013)  
 Nasernakhaei, Fatemeh (Scholarship of Iran, 24.05.2012-30.11.2013)  
 Nöh, Christiane (self-financed, 30.07.-17.08.2012; 01.01.-01.03.2013; 02.07.-17.08.2013)  
 Pasam, Raj Kishore (self-financed, 01.07.-31.08.2012)

### Goals

Development and application of genomics based resources for the identification, isolation and functional analysis of genes involved in plant development and the expression of agricultural traits. Impact of adaptation and selection on genetic variation at the levels of individual genes, genomes as well as distinct gene pools.

### Research Report

Knowledge about the structure and function of genes of agricultural importance is considered of central importance to facilitate informed access to plant genetic resources. Therefore, the research program aligns two converging areas: (1) trait mapping which includes use of novel phenotyping approaches to capture quantitative variation and (2) gene discovery based on structural and functional analysis of Triticeae genomes with major emphasis on barley (*Hordeum vulgare*). To facilitate systematic access to the complex genome of barley the research group has been focusing for more than a decade on the development of genomic resources, including mapping populations, a TILLING panel, DNA markers and a physical BAC contig map. Regarding the genomic sequence of barley, an important goal was recently attained by defining the major portion of the gene space in its genomic context. Along with a panoply of bioinformatics tools provided by collaborators, these resources will facilitate of the informed access to isolate and study a wealth of novel genes underlying monogenic and polygenic traits.

**Physical mapping and genomic tools:** In 2006 the International Barley Genome Sequencing Consortium (IBSC, <http://barleygenome.org>) was established with the aim to coordinate international efforts towards sequencing the barley genome. Embedded in this consortium the research group has been leading the establishment of a physical map of the barley genome as well as the development of extensive genomic sequence resources. Regarding the overall goal of a high quality reference sequence of the barley genome, a major milestone was reached by the consortium in 2012 by completing the integrated physical, genetic and functional genome assembly. This physical map could be anchored to the genetic map at very high density by utilizing about two million Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) that were generated by sequencing between 70 and 90 individuals of two segregating mapping populations, respectively (in collaboration with IPK research groups Bioinformatics and Information Technology (BIT), DOE/JGI, the James Hutton Institute (JHI) and University of Minnesota St. Paul (UMN)).



A minimum tilling path (MTP) of the physical map comprising 70,000 BACs was defined as a major deliverable during physical map construction. The MTP was re-arrayed in a chromosome-wise manner at CNRGV Toulouse, France. It serves as the road-map towards map-based sequencing of the seven barley chromosomes. Regarding the further refinement of the genomic sequence, the research group has been sequencing the MTPs of chromosomes, 1H, 3H and 4H (in collaboration with IPK research group BIT). After initial sequencing on the Roche/454 GSFLX Titanium platform the protocols were established for taking advantage of the higher capacity of the Illumina HiSeq2000 technology. Highly multiplexed sequencing libraries comprising 670 individually tagged BAC clones have been sequenced in a single HiSeq lane, which reduced sequencing costs dramatically. Raw sequencing data of 1H, 3H and half of 4H has been completed and first version draft assemblies were made for all sequenced clones. Sequencing of 4H will be completed by early March 2014. Sequencing of the remaining four chromosomes (2H, 5H, 6H, 7H) as well as non-anchored BAC contigs is in progress and managed by IBSC members. Thus MTP-sequencing of all seven barley chromosomes will be completed by mid 2014. Less than 5 % of the barley genome consists of coding sequence. For economic reasons, sequence analysis can be confined in the majority of studies to the gene space. Exploiting the available genomic sequence, a liquid phase exome capture assay targeting about 60 Mbp of coding sequence (> 80 % of high confidence barley genes) was designed in collaboration with international partners (JHI, UMN, R. Nimblegen). This tool allows for the exon-based re-sequencing of barley accessions to harness genetic diversity from natural genetic resources of barley. Using this resource, a pilot study to re-sequence 300 wild barley and barley landrace accessions has been initiated (B. Kilian, N. Stein, in collaboration IPK research group BIT). Furthermore, the platform proved useful to facilitate genetic mapping of several major genes and selected QTL in barley in combination with the bulked-segregant strategy (A. Himmelbach, N. Stein in collaboration with IPK research group BIT).

**Rye genomics and evolution:** Next Generation Sequencing (Roche/454) of sorted rye chromosomes allowed gathering information of the overall gene content and gene-order of rye chromosomes 1R – 7R. In analogy to the work previously accomplished in barley and on the basis of a high-density SNP map of rye, virtual gene order maps (genome zippers) could be generated (in collaboration with MIPS, K. Mayer et al.) that allow a high resolution and high density view onto genome conservation between related Triticeae species (barley, rye) and model grass genomes like rice, *Brachypodium* and *Sorghum*. Based on this new data and in-detail comparative genomic analyses, a new model of reticulate genome evolution of rye could be postulated (Ruonan Zhou, N. Stein).

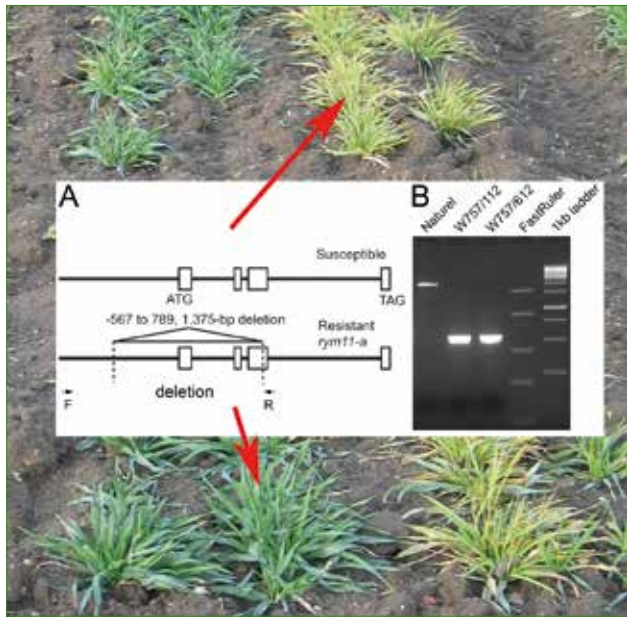
**Map-based cloning of barley genes:** Besides our efforts of unlocking the barley genome for whole genome sequencing we make efficient use of the new genomic resources in barley for the map-based isolation of genes underlying important eco-

nomical or developmental/morphological traits. Regarding the former, emphasis is placed on the elucidation the genetic basis of *Bymovirus* resistance in barley. After cloning of the gene *rym4/5* in 2005, we could now, in collaboration with the Julius Kühn Institute (JKI), Quedlinburg (F. Ordon et al.), isolate and validate the resistance gene *rym11* by mutant and transgene (in collaboration IPK research group Plant Reproduction Biology (PRB) analysis (see Fig. 10, p. 32). Similar to *rym4/5*, the *rym11* locus displays a series of functional resistance alleles. In collaboration with the JKI high resolution mapping and isolation of further resistance loci *rym3*, *rym7* and *rym13* is in progress (Ping Yang, A. Graner, N. Stein).

**Exploiting environmental adaptation of cultivated barley to new environments:** Flowering in barley is triggered by three major mechanisms: temperature response (vernalization), photoperiod response and earliness *per se*. The latter is of crucial importance for the adaptation of barley plants to short vegetation periods under long days, as they are typical for high latitudes. The barley earliness *per se* locus on chromosome 2H (EPS2) represents a homolog of the *Antirrhinum CENTRORADIALIS* gene (*HvCEN*). The gene was identified to represent a major genetic switch for the adaptation of cultivated barley to the growing conditions in Northern Europe, which is far outside its natural distribution range in the Fertile Crescent. To better understand the genetic implications of adaptation to new environments, *HvCEN* was resequenced in a large collection of wild barley germplasm. Signatures of divergent selection were identified in the highly differentiated modern-day spring and winter barley genepools. The distribution of *HvCEN* alleles in wild barley and land-races demonstrated that adaptation of cultivated germplasm was facilitated by the selection and subsequent enrichment of preexisting genetic variants rather than the acquisition of mutations after domestication (B. Kilian, N. Stein, in collaboration with JHI, R. Waugh et al.). To study additional genes involved in adaptation to diverse environments, the *Ppd-H1* locus was resequenced in a large collection of 2057 geo-referenced wild and domesticated barleys in order to uncover the origin of photoperiod insensitivity in barley. Contrary to the previous findings, we discovered that photoperiod insensitivity originated after the initial domestication, outside the Fertile Crescent (R. Sharma, A. Graner, B. Kilian).

**Image based estimation and genetic analysis of biomass development in spring barley:** The research network CROP-SENSE exploits non-invasive live sensor technologies for systematic phenotyping. Using an automated imaging system, plant growth can be continuously monitored under various stress conditions via automated image analysis. Phenotypic data are analyzed in collaboration with the research group "Image Analysis". Correlations of fresh weight and digital biomass are sufficiently robust ( $R^2 > 0.80$ ) to estimate the accumulation of above ground biomass by using image data in order to identify QTL for this trait. To this end, 100 diverse two-rowed spring barleys were evaluated with daily imaging (visible light). We estimated plant biomass development over time by calculating 'digital biomass' - a pixel volume showing a high correlation to

plant fresh weight. Modelling plant growth and wilting provided parameters of speed of growth and estimated maximum biomass as well as wilting timing and recovery speed. SNP fingerprinting yielded 4873 informative SNPs which were used for genome wide association mapping. Altogether, 48 SNPs were significantly associated ( $-\text{Log}(p) > 3$ ) with biomass development over time under well-watered conditions (K. Neumann, S. Dhanagond, B. Kilian, A. Graner).



**Fig. 10** Resistance to *Bymovirus* is controlled by the gene *HvPDIL5-1* at the *rym11* locus of barley. The gene *HvPDIL5-1* was identified by map-based cloning in barley as susceptibility factor to *Bymovirus*. A large deletion in the 5'-region of the gene (A), which can be detected by PCR amplification with primers 'F' and 'R' (B), is causing a complete knockout of the gene, thus conferring complete resistance. This can be recognized in the field by green, symptomless, and healthy plants compared to susceptible plants showing severe yellow mosaic leaf symptoms and stunted growth during tillering stage (P. Yang, N. Stein).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- ARIYADASA, R. & N. STEIN: Advances in BAC based physical mapping and map integration strategies in plants. *J. Biomed. Biotechnol.* 2012 (2012) 11 pp., Article ID 184854.
- BEN-ISRAEL, I., B. KILIAN, H. NIDA & E. FRIDMAN: Heterotic Trait Locus (HTL) mapping identifies intra-locus interactions that underlie reproductive hybrid vigor in *Sorghum bicolor*. *PLoS One* 7 (2012) e38993.
- BUCHMANN, J., T. MATSUMOTO, N. STEIN, B. KELLER & T. WICKER: Interspecies sequence comparison in *Brachypodium* reveals how transposon activity corrodes genome colinearity. *Plant J.* 71 (2012) 550-563.
- COCKRAM, J., T. THIEL, B. STEUERNAGEL, N. STEIN, S. TAUDIEN, P.C. BAILEY & D.M. O'SULLIVAN: Genome dynamics explain the evolution of flowering time CCT domain gene families in the Poaceae. *PLoS One* 7 (2012) e45307.
- COMADRAN, J., B. KILIAN, J. RUSSELL, L. RAMSAY, N. STEIN, M. GANAL, P. SHAW, M. BAYER, W. THOMAS, D. MARSHALL, P. HEDLEY, A. TONDELLI, N. PECCHIONI, E. FRANCAIA, V. KORZUN, A. WALTHER & R. WAUGH: Natural variation in a homolog of *Antirrhinum centroradialis* contributed to spring growth habit and environmental adaptation in cultivated barley. *Nat. Genet.* 44 (2012) 1388-1392.
- CÖMERTPAY, G., F.S. BALOCH, B. KILIAN, A.C. ÜLGER & H. ÖZKAN: Morphological and genetic diversity among Turkish maize landraces. *Plant Mol. Biol. Rep.* 30 (2012) 261-274.
- FEUILLET, C., N. STEIN, L. ROSSINI, S. PRAUD, K. MAYER, A. SCHULMAN, K. EVERSOLE & R. APPELS: Integrating cereal genomics to support innovation in the Triticeae. *Funct. Integr. Genomics* 12 (2012) 573-583.
- HOUSTON, K., A. DRUKA, N. BONAR, M. MACAULAY, J. LUNDQUIST, J. FRANCKOWIAK, M. MORGANTE, N. STEIN & R. WAUGH: Analysis of the barley bract suppression gene *Trd1*. *Theor. Appl. Genet.* 125 (2012) 33-45.
- HÜBNER, S., T. GÜNTHER, A. FLAVELL, E. FRIDMAN, A. GRANER, A. KOROL & K.J. SCHMID: Islands and streams: clusters and gene flow in wild barley populations from the Levant. *Mol. Ecol.* 21 (2012) 1115-1129.
- HUYNH, B.L., D.E. MATHER, A.W. SCHREIBER, J. TOUBIA, U. BAUMANN, Z. SHOAEL, N. STEIN, R. ARIYADASA, J.C.R. STANGOULIS, J. EDWARDS, N. SHIRLEY, P. LANGRIDGE & D. FLEURY: Clusters of genes encoding fructan biosynthesizing enzymes in wheat and barley. *Plant Mol. Biol.* 80 (2012) 299-314.
- KAPUSI, E., L. MA, C.H. TEO, G. HENSEL, A. HIMMELBACH, I. SCHUBERT, F.M. METTE, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Telomere-mediated truncation of barley chromosomes. *Chromosoma* 121 (2012) 181-190.
- KARAKÖY, T., H. ERDEM, F.S. BALOCH, F. TOKLU, S. EKER, B. KILIAN & H. ÖZKAN: Diversity of macro- and micronutrients in the seeds of lentil landraces. *Sci. World J.* (2012) 9 pages, Article ID: 710412
- KILIAN, B. & A. GRANER: NGS technologies for analyzing germplasm diversity in genebanks. *Briefings in Functional Genomics* 11 (2012) 38-50.
- MAMEAUX, S., J. COCKRAM, T. THIEL, B. STEUERNAGEL, N. STEIN, S. TAUDIEN, P. JACK, P. WERNER, J.C. GRAY, A.J. GREENLAND & W. POWELL: Molecular, phylogenetic and comparative genomic analysis of the *cytokinin oxidase/dehydrogenase* gene family in the Poaceae. *Plant Biotechnol. J.* 10 (2012) 67-82.
- MARTIS, M.M., S. KLEMME, A.M. BANAEI MOGHADDAM, F.R. BLATTNER, J. MACAS, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, H. GUNDLACH, T. WICKER, H. ŠIMKOVÁ, P. NOVÁK, P. NEUMANN, M. KUBALÁKOVÁ, E. BAUER, G. HASENEYER, J. FUCHS, J. DOLEŽEL, N. STEIN, K.F.X. MAYER & A. HOUBEN: Selfish supernumerary chromosome reveals its origin as a mosaic of host genome and organellar sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 13343-13346.
- MAYER, K.F.X., R. WAUGH, P. LANGRIDGE, T.J. CLOSE, R.P. WISE, A. GRANER, T. MATSUMOTO, K. SATO, A. SCHULMAN, R. ARIYADASA, D. SCHULTE, N. POURSAREBANI, R. ZHOU, B. STEUERNAGEL, M. MASCHER, U. SCHOLZ, B. SHI, K. MADISHETTY, J.T. SVENSSON, P. BHAT, M. MOSCOU, J. RESNIK, G.J. MUEHLBAUER, P. HEDLEY, H. LIU, J. MORRIS, Z. FRENKEL, A. KOROL, H. BERGES, S. TAUDIEN, M. FELDER, M. GROTH, M. PLATZER, A. HIMMELBACH, S. LONARDI, D. DUMA, M. ALPERT, F. CORDERO, M. BECCUTI, G. CIARDO, Y. MA, S. WANAMAKER, F. CATTONARO, V. VENDRAMIN, S. SCALABRIN, S. RADOVIC, R. WING, M. MORGANTE, T. NUSSBAUMER, H. GUNDLACH, M. MARTIS, J. POLAND, M. PFEIFER, C. MOISY, J. TANSKANEN, A. ZUCCOLO,

- M. SPANNAGL, J. RUSSELL, A. DRUKA, D. MARSHALL, M. BAYER, D. SWARBRECK, D. SAMPATH, S. AYLING, M. FEBRER, M. CACCAMO, T. TANAKA, S. WANNAMAKER, T. SCHMUTZER, J.W.S. BROWN, G.B. FINCHER & N. STEIN: A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. *Nature* 491 (2012) 711-716.
- PASAM, R.K., R. SHARMA, M. MALOSETTI, F.A. VAN EEUWIJK, G. HASENEYER, B. KILIAN & A. GRANER: Genome-wide association studies for agronomical traits in a world wide spring barley collection. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 16.
- SHAHINIA, F., A. DRUKA, J. FRANCKOWIAK, M. MORGANTE, R. WAUGH & N. STEIN: High resolution mapping of *Dense spike-ar (dsp.ar)* to the genetic centromere of barley chromosome 7H. *Theor. Appl. Genet.* 124 (2012) 373-384.
- SPIES, A., V. KORZUN, R. BAYLES, J. RAJARAMAN, A. HIMMELBACH, P.E. HEDLEY & P. SCHWEIZER: Allele mining in barley genetic resources reveals genes of race-non-specific powdery mildew resistance. *Front. Plant Sci.* 2 (2012) 22 pp.
- VARSHNEY, R.K., M.J. PAULO, S. GRANDO, F.A. VAN EEUWIJK, L.C.P. KEIZER, P. GUO, S. CECCARELLI, A. KILIAN, M. BAUM & A. GRANER: Genome wide association analyses for drought tolerance related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Field Crops Res.* 126 (2012) 171-180.
- ZAKHRABEKOVA, S., S.P. GOUGH, I. BRAUMANN, A.H. MÜLLER, J. LUNDQVIST, K. AHMANN, C. DOCKTER, I. MATYSZCZAK, M. KUROWSKA, A. DRUKA, R. WAUGH, A. GRANER, N. STEIN, B. STEUERNAGEL, U. LUNDQVIST & M. HANSSON: Induced mutations in circadian clock regulator *Mat-a* facilitated short-season adaptation and range extension in cultivated barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 4326-4331.
- 2013**
- ANDEDEN, E.E., F.S. BALOCH, M. DERYA, B. KILIAN & H. ÖZKAN: iPBS-Repeat transposons-based genetic diversity and relationship among wild annual *Cicer* species. *J. Plant Biochem. Biotechnol.* 22 (2013) 453-466.
- BISELLI, C., S. URSO, G. TACCONI, B. STEUERNAGEL, D. SCHULTE, A. GIANINETTI, P. BAGNARESI, N. STEIN, L. CATTIVELLI & G. VALÈ: Haplotype variability and identification of new functional alleles at the *Rdg2a* leaf stripe resistance gene locus. *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 1575-1586.
- GRAU, J., S. POSCH, I. GROSSE & J. KEILWAGEN: A general approach for discriminative *de novo* motif discovery from high-throughput data. *Nucleic Acids Res.* 41 (2013) e197.
- KARAFIÁTOVÁ, M., J. BARTOŠ, D. KOPECKÝ, L. MA, K. SATO, A. HOUBEN, N. STEIN & J. DOLEŽEL: Mapping nonrecombining regions in barley using multicolor FISH. *Chromosome Res.* 21 (2013) 739-751.
- KOPPOLU, R., N. ANWAR, S. SAKUMA, A. TAGIRI, U. LUNDQVIST, M. POURKHEIRANDISH, T. RUTTEN, C. SEILER, A. HIMMELBACH, R. ARIYADASA, H.M. YOUSSEF, N. STEIN, N. SREENIVASULU, T. KOMATSUDA & T. SCHNURBUSCH: *Six-rowed spike4 (Vrs4)* controls spikelet determinacy and row-type in barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (2013) 13198-13203.
- LONG, N.V., O. DOLSTRA, M. MALOSETTI, B. KILIAN, A. GRANER, R.G. VISSER & C.G. VAN DER LINDEN: Association mapping of salt tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 2335-2351.
- LÜPKEN, T., N. STEIN, D. PEROVIC, A. HABEKUSS, I. KRAMER, U. HÄHNEL, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ZHOU, R. ARIYADASA, S. TAUDIEN, M. PLATZER, M. MARTIS, K. MAYER, W. FRIEDT & F. ORDON: Genomics-based high-resolution mapping of the BaMMV/BaYMV resistance gene *rym11* in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 1201-1212.
- MARTIS, M.M., R. ZHOU, G. HASENEYER, T. SCHMUTZER, J. VRÁNA, M. KUBALÁKOVÁ, S. KÖNIG, K.G. KUGLER, U. SCHOLZ, B. HACKAUF, V. KORZUN, C.-C. SCHÖN, J. DOLEŽEL, E. BAUER, K.F.X. MAYER & N. STEIN: Reticulate evolution of the rye (*Secale cereale* L.) genome. *Plant Cell* 25 (2013) 3685-3698.
- MASCHER, M., G.J. MUEHLBAUER, D.S. ROKHSAR, J. CHAPMAN, J. SCHMUTZ, K. BARRY, M. MUNOZ-AMATRIAIN, T.J. CLOSE, R.P. WISE, A.H. SCHULMAN, A. HIMMELBACH, K.F.X. MAYER, U. SCHOLZ, J.A. POLAND, N. STEIN & R. WAUGH: Anchoring and ordering NGS contig assemblies by population sequencing (POPSEQ). *Plant J.* 76 (2013) 718-727.
- MASCHER, M., T.A. RICHMOND, D.J. GERHARDT, A. HIMMELBACH, L. CLISSOLD, D. SAMPATH, S. AYLING, B. STEUERNAGEL, M. PFEIFER, M. D'ASCENZO, E.D. AKHUNOV, P.E. HEDLEY, A.M. GONZALES, P.L. MORRELL, B. KILIAN, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ, K.F. MAYER, A.J. FLAVELL, G.J. MUEHLBAUER, R. WAUGH, J.A. JEDDELOH & N. STEIN: Barley whole exome capture: a tool for genomic research in the genus *Hordeum* and beyond. *Plant J.* 76 (2013) 494-505.
- MASCHER, M., S. WU, P. ST. AMAND, N. STEIN & J. POLAND: Application of genotyping-by-sequencing on semiconductor sequencing platforms: a comparison of genetic and reference-based marker ordering in barley. *PLoS One* 8 (2013) e76925.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE, J. FÖRSTER, V. KORZUN, N. STEIN & M.S. RÖDER: Nitrogen-metabolism related genes in barley – haplotype diversity, linkage mapping and associations with malting and kernel quality parameters. *BMC Genetics* 14 (2013) e77.
- MCCOUCH, S., G.J. BAUTE, J. BRADEEN, P. BRAMEL, P.K. BRETTEING, E. BUCKLER, J.M. BURKE, D. CHAREST, S. CLOUTIER, G. COLE, H. DEMPEWOLF, M. DINGKUNH, C. FEUILLET, P. GEPTS, D. GRATAPAGLIA, L. GUARINO, S. JACKSON, S. KNAPP, P. LANGRIDGE, A. LAWTON-RAUH, Q. LIJUA, C. LUSTY, T. MICHAEL, S. MYLES, K. NAITO, R.L. NELSON, R. PONTAROLLO, C.M. RICHARDS, L. RIESEBERG, J. ROSS-IBARRA, S. ROUNSLEY, R.S. HAMILTON, U. SCHURR, N. STEIN, N. TOMOOKA, E. VAN DER KNAAP, D. VAN TASSEL, J. TOLL, J. VALLS, R.K. VARSHNEY, J. WARD, R. WAUGH, P. WENZL & D. ZAMIR: Agriculture: Feeding the future. *Nature* 499 (2013) 23-24.
- MIDDLETON, C.P., N. STEIN, B. KELLER, B. KILIAN & T. WICKER: Comparative analysis of genome composition in Triticeae reveals strong variation in transposable element dynamics and nucleotide diversity. *Plant J.* 73 (2013) 347-356.
- MUÑOZ-AMATRIAIN, M., S.R. EICHTEN, T. WICKER, T.A. RICHMOND, M. MASCHER, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ARIYADASA, M. SPANNAGL, T. NUSSBAUMER, K.F.X. MAYER, S. TAUDIEN, M. PLATZER, J.A. JEDDELOH, N.M. SPRINGER, G.J. MUEHLBAUER & N. STEIN: Distribution, functional impact, and origin mechanisms of copy number variation in the barley genome. *Genome Biol.* 14 (2013) R58.
- PEROVIC, J., C. SILVAR, J. KOENIG, N. STEIN, D. PEROVIC & F. ORDON: A versatile fluorescence-based multiplexing assay for CAPS genotyping on capillary electrophoresis systems. *Mol. Breed.* 32 (2013) 61-69.
- POURSAREBANI, N., R. ARIYADASA, R. ZHOU, D. SCHULTE, B. STEUERNAGEL, M.M. MARTIS, A. GRANER, P. SCHWEIZER, U. SCHOLZ, K.F.X. MAYER & N. STEIN: Conserved synteny-based anchoring of the barley genome physical map. *Funct. Integr. Genomics* 13 (2013) 339-350.

- SAKUMA, S., M. POURKHEIRANDISH, G. HENSEL, J. KUMLEHN, N. STEIN, A. TAGIRI, N. YAMAJI, J.F. MA, H. SASSA, T. KOBAYASHI & T. KOMATSUDA: Divergence of expression pattern contributed to neofunctionalization of duplicated HD-Zip I transcription factor in barley. *New Phytol.* 197 (2013) 939-948.
- TONDELLI, A., X. XU, M. MORAGUES, R. SHARMA, F. SCHNAITHMANN, C. INGVARSDSEN, O. MANNINEN, J. COMADRAN, J. RUSSELL, R. WAUGH, A.H. SCHULMAN, K. PILLEN, S.K. RASMUSSEN, B. KILIAN, L. CATTIVELLI, W.T.B. THOMAS & A.J. FLAVELL: Structural and temporal variation in genetic diversity of European spring 2-row barley cultivars and association mapping of quantitative traits. *Plant Genome* 6 (2013) 1-14.
- YANG, P., D. PEROVIC, A. HABEKUSS, R. ZHOU, A. GRANER, F. ORDON & N. STEIN: Gene-based high-density mapping of the gene *rym7* conferring resistance to *Barley mild mosaic virus* (BaMMV). *Mol. Breed.* 32 (2013) 27-37.

### Books and Book Chapters

#### 2012

- KILIAN, B., H. ÖZKAN, S. SHAAF, S. HÜBNER, R.K. PASAM, R. SHARMA, K. NEUMANN, W. WEISSGERBER, F.A. KONOVALOV, J. KEILWAGEN, S. FRIEDEL, H. KNÜPFER, M. VON KORFF, G. COUPLAND & A. GRANER: Comparing genetic diversity within a crop and its wild progenitor: a case study for barley. In: MAXTED, N., M.E. DULLOO, B.V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J.M. IRIONDO & M.A.A. PINHEIRO DE CARVALHO (Eds.): *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CABI Publishing, Wallingford (2012) 186-192.

#### 2013

- PEROVIC, D., D. KOPAHNKE, B.J. STEFFENSON, J. FÖRSTER, J. KÖNIG, B. KILIAN, J. PLIESKE, G. DURSTEWITZ, V. KORZUN, I. KRAEMER, A. HABEKUSS, P. JOHNSTON, R. PICKERING & F. ORDON: Genetic fine mapping of a novel leaf rust resistance gene and a *barley yellow dwarf virus* tolerance (BYDV) introgressed from *Hordeum bulbosum* by the use of the 9K iSelect chip. In: ZHANG, G., C. LI & X. LIU (Eds.): *Advance in Barley Sciences*. Proceedings of 11<sup>th</sup> International Barley Genetics Symposium. Springer and Zhejiang University Press (2013) 269-284.

### Other Papers

#### 2012

- ACATECH – DEUTSCHE AKADEMIE DER TECHNIKWISSENSCHAFTEN, D. AMELING, B. BAJORAT, J. VON BRAUN, W. BRINKER, R. BURGER, H.J. CRAMER, K. VON DOHNANYI, H. FERKEL, A. GEDASCHKO, G. GLATZEL, A. GRANER, P. ZU GUTTENBERG, P. HERZIG, B. HORSFIELD, M. HÜTHER, R. HÜTTL, M. JÄGER, K. KONRAD, K. KORNWACHS, C. KRATZ, K. LOCHTE, V. MOSBRUGGER, B. MÜLLER, H.H. NACKE, L. REISCH, M. STITT, R. VAN DER MEER, F. VAHRENHOLT, A. VOSS, C.C. VON WEIZSÄCKER, C. WITT & H. ZEISS (Eds.): *Anpassungsstrategien in der Klimapolitik* (acatech POSITION). Springer-Verlag, Heidelberg et al. (2012) 38 pp.

- NAGEL, M., I.O. DANIEL, M. GÄBLER, R.K. PASAM, M.A. REHMAN ARIF, B. KILIAN & A. BÖRNER: Seed longevity in a barley collection – variation and gene identification. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 151-158.
- NEUMANN, K., N. STEIN, A. GRANER, C. KLUKAS, A. ENTZIAN & B. KILIAN: Non-destructive phenotyping using the high-throughput LemnaTec-Scanalyzer 3D platform to investigate drought tolerance in barley. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 158-160.
- PEROVIC, D., J. KÖNIG, D. KOPAHNKE, B.J. STEFFENSON, J. FÖRSTER, B. KILIAN, J. PLIESKE, G. DURSTEWITZ & F. ORDON: MBR1012 x Scarlett: A new DH population for genetic dissection of resistance to different pathogens in barley. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 82-86.

### PhD and Diploma Theses

#### 2012

- ATHMER, B.: Differentielle Genexpression in Roggen, Weizen und Gerste während der Kälteakklimatisierung und ihr Bezug zur Frosttoleranz. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 199 pp.
- PASAM, R.K.: Development of stratified barley populations for association mapping studies. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 167 pp.
- POURSAREBANI, N.: A genetically anchored physical map of barley chromosome 2H. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 106 pp.

#### 2013

- SHARMA, R.: Genome-wide association studies in diverse gene pools of barley. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 167 pp.
- KUON, J.E.: Identification of a many-noded-dwarf gene by using a cloning-by-sequencing approach in barley. (Master Thesis) Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik, Universität Hohenheim (2013) 55 pp.

# Research Group: Genebank Documentation

Head: Dr. Helmut Knüpfper

## Scientists

### IPK financed

Dittmann, Claudia  
Oppermann, Markus

### Grant Positions

Cong, Khac Dung, Dr. (DFG, since 01.09.2012)

### Visiting Scientists/Scholars

Filatenko, Anna, Dr. (IPK/Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V., 22.03.-12.04.2013)  
Kywan, Khoulood (self-financed, 08.10.2012-30.06.2014)

## Goals

Development and maintenance of information systems for plant genetic resources (PGR) with the aim to provide information to researchers, breeders and other users, and to support the conservation management.

## Research Report

The group's activities focused on the continuous maintenance, development and extension of the **Genebank Information System (GBIS)**. GBIS is being developed in an Oracle environment.

(1) **GBIS/M**, the internal genebank management system, offers numerous functions supporting the day-to-day genebank activities. It has been operational since 2006. The *in vitro* storage module and the full integration of the Groß Lüsewitz potato collection in GBIS were completed in 2013 (C. Dittmann, M. Oppermann, cooperation with J. Keller, research group *In vitro* Storage and Cryopreservation, and K. Dehmer, research group Satellite Collections North). In 2013, the development of the specimen management system (e.g. herbarium images) was started (C. Dittmann, M. Oppermann).

The developers' (technical) documentation for GBIS/M and the user manual are updated annually. Bug-fixing, the implementation of change requests, and improving the user-friendliness of GBIS are continuously carried out. The data base was increased and further consolidated, and the data quality was improved (M. Oppermann, H. Knüpfper).

(2) **GBIS/I**, the internet portal for searching and ordering genebank accessions ([http://gbis.ipk-gatersleben.de/gbis\\_i/](http://gbis.ipk-gatersleben.de/gbis_i/)), provides online access to 151,000 accessions of the IPK Genebank collections at Gatersleben, Malchow and Groß Lüsewitz. It was adapted to the new Oracle Weblogic server technology in 2013. It has been used for material requests by more than 70 % of the users in 2012-2013 (cf. diagram in Fig. 11 b, p. 36).

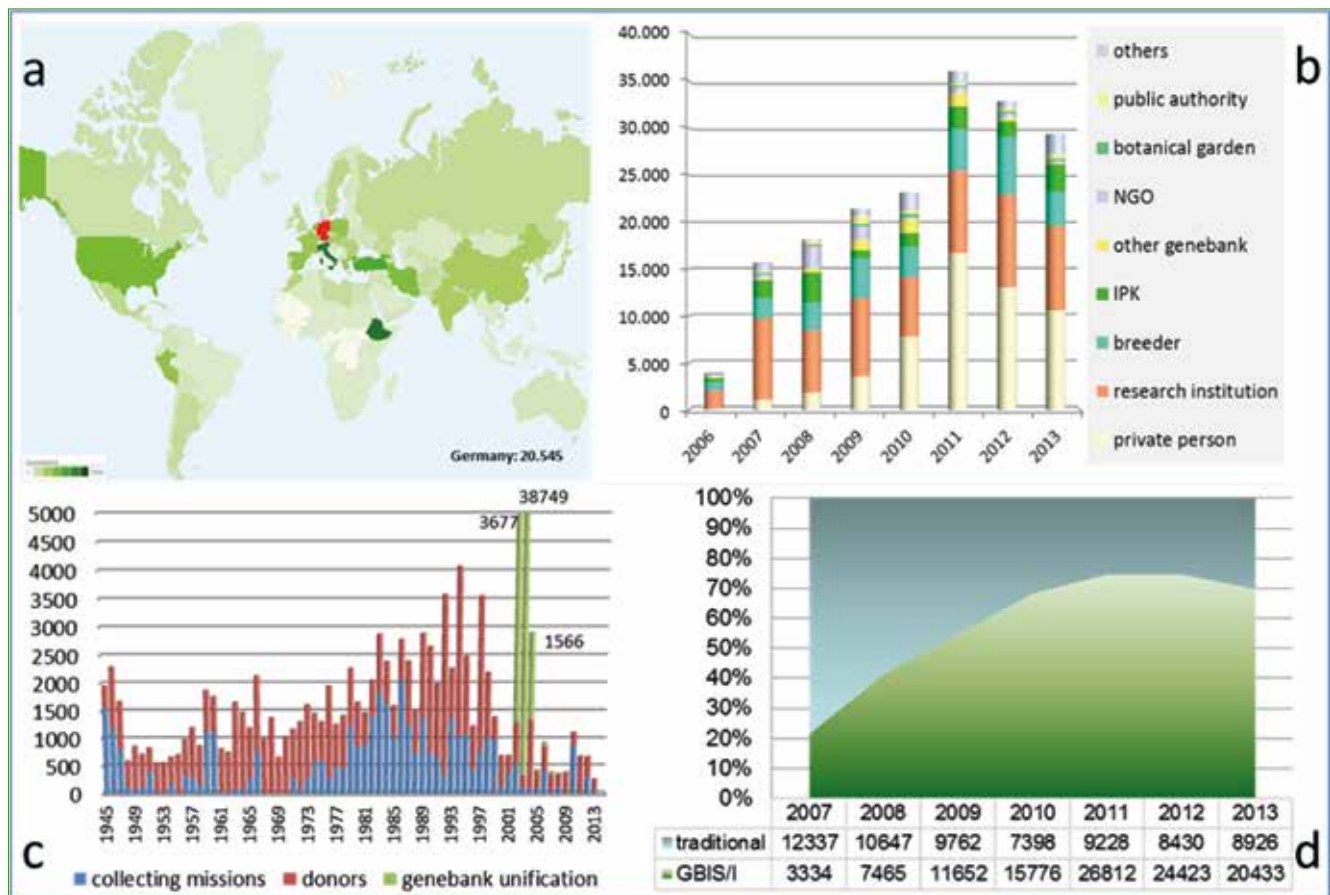
**Integration of IPK data in information networks.** Passport data of genebank accessions were repeatedly exported and submitted to the German National Inventory of PGR (PGRDEU), the European Central PGR Search Catalogue (EURISCO), and numerous ECPGR European Central Crop Databases. GBIF (Global Biodiversity Information Facility) is accessing IPK's passport data via a web service.

Since September 2012, a DFG-funded project on **Herbarium Digitization** is being carried out, in cooperation with the research group Experimental Taxonomy (K. Pistrick). The herbarium images are scanned with high resolution and visualised using the Djatoka image server. Label data are documented using the JACQ software developed by the Herbarium of the University of Vienna, Austria, within the project Virtual Herbaria. This ensures standardised data recording as well as the searchability of digitized IPK herbarium data jointly with other those of herbaria participating in the Virtual Herbaria project. The group is developing software to connect images with genebank accessions via accession numbers and other identifiers with the aim of integrating herbarium images and other images (e.g. scanned card files) into the GBIS specimen management system (see above) (Cong Khac Dung, C. Dittmann, M. Oppermann).

The group is hosting the **European Barley Database (EBDB)**, the **European Poa Database**, and the **European Allium Database** (since 2012) of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR), the latter two in cooperation with E. Willner (Satellite Collections North) and J. Keller (research group *In vitro* Storage and Cryopreservation). In collaboration with the research group Bioinformatics and Information Technology (U. Scholz) a bid was won for hosting and further develop, from 2014 on, the European Search Portal for Plant Genetic Resources (**EURISCO**). Preparation for the transfer to IPK started already in the second half of 2013.

The group is also maintaining other databases: **Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Crops** (<http://mansfeld.ipk-gatersleben.de>) and the in-house **Database for Checklists of Cultivated Plants** (not online) (M. Oppermann, H. Knüpfper).

In addition, the **automatic IPK weather stations** in Gatersleben and Malchow are operated by the group, and the data generated are made publicly accessible via the IPK website (M. Oppermann).


**Fig. 11**

**a**) Genbank accessions by country of origin. **b**) Distributed samples in 2006-2013 by institution type. **c**) Numbers of new accessions per year (1945-2013), reflecting the sources of material. **d**) Utilization of GBIS/I for requesting genbank material: percentage of distributed samples (source: M. Oppermann).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

COLMSEE, C., E.R.J. KELLER, C. ZANKE, A. SENULA, T. FUNKE, M. OPPERMAN, S. WEISE & U. SCHOLZ: The Garlic and Shallot Core Collection image database of IPK presenting two vegetatively maintained crops in the Federal *ex situ* genbank for agricultural and horticultural crops at Gatersleben, Germany. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59 (2012) 1407-1415.

ENDRESEN, D.T.F. & H. KNÜPFER: The Darwin core extension for genbanks opens up new opportunities for sharing germplasm data sets. *Biodiversity Informatics* 8 (2012) 12-29.

HANELT, P., H. KNÜPFER & K. HAMMER: Erna Bennett (5 August 1925- 3 January 2012). *Genet. Resour. Crop Evol.* 59 (2012) 967-970.

THOMAS, K., R. THANOPOULOS, H. KNÜPFER & P.J. BEBELI: Plant genetic resources of Lemnos (Greece), an isolated island in the Northern Aegean Sea, with emphasis on landraces. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59 (2012) 1417-1440.

VINCENT, H., R. VON BOTHMER, H. KNÜPFER, A. AMRI, J. KONOPKA & N. MAXTED: Genetic gap analysis of wild *Hordeum* taxa. *Plant Genet. Resour.* 10 (2012) 242-253.

#### 2013

RODRIGUEZ, M., D. RAU, S.A. ANGIOI, E. BELLUCCI, E. BITOCCHI, L. NANNI, H. KNÜPFER, V. NEGRI, R. PAPA & G. ATTENE: European *Phaseolus coccineus* L. landraces: Population structure and adaptation, as revealed by cpSSRs and phenotypic analyses. *PLoS One* 8 (2013) e57337.

THOMAS, K., R. THANOPOULOS, H. KNÜPFER & P.J. BEBELI: Plant genetic resources in a touristic island: the case of Lefkada (Ionian Islands, Greece). *Genet. Resour. Crop Evol.* 60 (2013) 2431-2455.

### Books and Book Chapters

#### 2012

KILIAN, B., H. ÖZKAN, S. SHAAF, S. HÜBNER, R.K. PASAM, R. SHARMA, K. NEUMANN, W. WEISSGERBER, F.A. KONOVALOV, J. KEILWAGEN, S. FRIEDEL, H. KNÜPFER, M. VON KORFF, G. COUPLAND & A. GRANER: Comparing genetic diversity within a crop and its wild progenitor: a case study for barley. In: MAXTED, N., M.E. DULLOO, B.V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J.M. IRONDO & M.A.A. PINHEIRO DE CARVALHO (Eds.): *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CABI Publishing, Wallingford (2012) 186-192.

## Research Group: Plant Architecture

Head: Dr. Thorsten Schnurbusch

### Scientists

#### IPK financed

Alqudah, Ahmad Mohammad (0,50, since 28.09.2013)

Gawroński, Piotr (0,50, 15.09.-31.12.2012)

Guo, Zifeng (0,50, 16.07.-30.09.2012)

Koppolu, Ravi (0,50, since 16.03.2013)

Seidensticker, Tina (0,50, till 31.08.2012; 01.03.-31.05.2013; 01.09.-30.11.2013)

Thiel, Johannes, Dr. (0,25, 01.09.-31.12.2013)

#### Grant Positions

Alqudah, Ahmad Mohammad (0,65 DFG, till 27.09.2013)

Gawroński, Piotr (0,50 DFG, till 14.09.2012)

Koppolu, Ravi (0,50 DFG, till 15.03.2013)

Poursarebani, Naser, Dr. (0,50/1,00 BMBF)

Wolde, Gizaw Metafei (0,50 SAW-Leibniz Graduate School Gatersleben, since 01.11.2012)

Youssef, Helmy Mohamed, Dr. (0,50 EU, since 01.03.2012)

#### Visiting Scientists/Scholars

Gawroński, Piotr (self-financed, 01.01.-31.12.2013)

Seidensticker, Tina (self-financed, 01.09.2012-28.02.2013; 12.06.-31.08.2013; since 01.12.2013)

Zifeng, Guo (China Scholarship Council – CSC, since 01.10.2012)

### Goals

Elucidating the developmental and molecular mechanisms of spike development in small grain cereals wheat and barley.

### Research Report

#### Discovery of the genetic basis for the triple spikelet meristem in barley

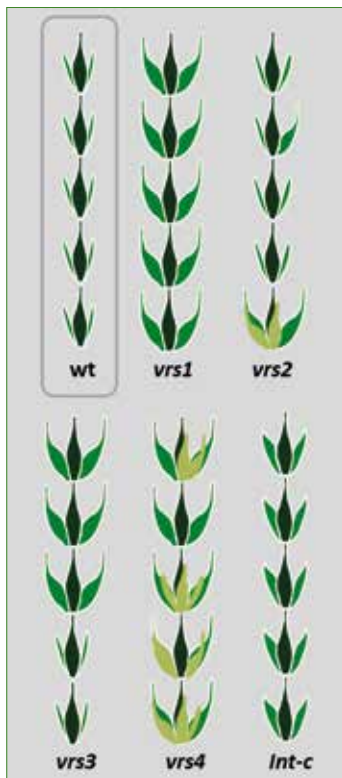
The appearance of the *six-rowed spike* phenotype in barley is one of the important developmental processes that promoted barley domestication owing to its increased grain yield. Until today, five different loci have been identified which can convert two-rowed into six-rowed barley; they include *vrs1* (2HL), *vrs2* (5HL), *vrs3* (1HL), *vrs4* (3HS) and *int-c* (5HS) (for phenotypes see Fig. 12, p. 38). Komatsuda et al. (PNAS 104 (2007) 1424-1429) identified the *Vrs1* gene as being an HD ZIP transcription factor and recently Ramsay et al. found *int-c* as the barley orthologue of maize *Teosinte Branched1* (Nat. Genet. 43 (2011) 169-172). Among other *vrs* loci (*vrs2* and *vrs3*) *vrs4* is known to produce a prominent six-rowed phenotype with many fully fertile, long awned lateral spikelets. In our previous DFG-funded project (R. Koppolu) we examined the inflorescence architecture of barley

(*Hordeum vulgare* L.), which bears one to three single-flowered spikelets at each rachis internode. A triple spikelet meristem is one of the unique features of barley spikes, in which three spikelets (one central and two lateral spikelets) are produced at each rachis internode. Fertility of the lateral spikelets at triple spikelet meristem gives row-type identity to barley spikes. Six-rowed spikes show fertile lateral spikelets and produce increased grain yield per spike, compared with two-rowed spikes with sterile lateral spikelets. In the present study, we isolated *Six-rowed spike4* (*Vrs4*), a barley ortholog of the maize (*Zea mays* L.) inflorescence architecture gene *RAMOSA2* (*RA2*). Eighteen coding mutations in barley *RA2* (*HvRA2*) were specifically associated with lateral spikelet fertility and loss of spikelet determinacy (Koppolu et al., PNAS 110 (2013) 13198-13203). Expression analyses through mRNA *in situ* hybridization and microarray showed that *Vrs4* controls the row-type pathway through *Vrs1* (Fig. 13). Furthermore, *Vrs4* controls transcripts of genes belonging to the trehalose biosynthesis pathway; i.e. barley trehalose-6-phosphate synthase (TPS1), and barley *SISTER OF RAMOSA3* (*HvSRA*), a putative trehalose-6-phosphate phosphatase (TPP), both involved in trehalose-6-phosphate (T6P) homeostasis implicated to control spikelet determinacy. Most importantly, the obtained picture of regulation for inflorescence development in barley appeared to be quite different compared to previously published models of maize and the corresponding *RAMOSA* pathway (Kellogg, Curr. Opin. Plant Biol. 10 (2007) 26-31), clearly suggesting that barley along with other Triticeae species including wheat, possess distinct gene regulatory networks during inflorescence development (see Fig. 13, p. 38). In summary, our *vrs4* work has shown that spikelet and floret development lies at the heart of increasing grain number in barley, and that fundamental discoveries in this important area may provide new avenues for crop improvement and breeding.

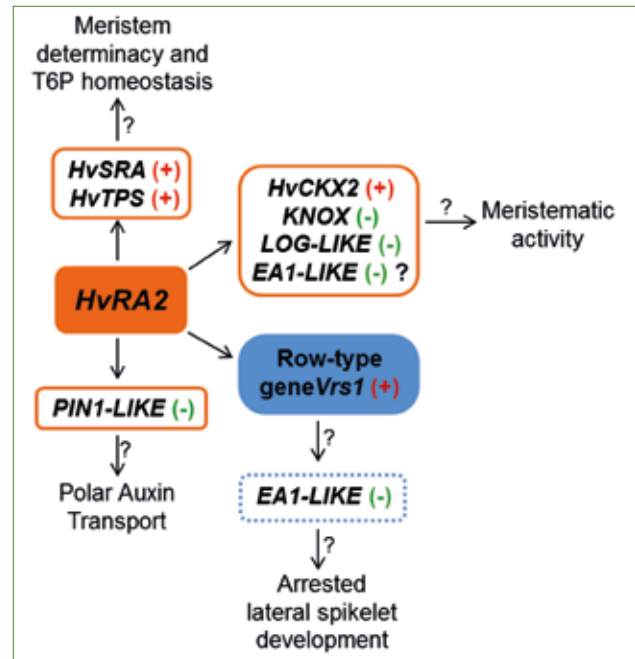
#### A circadian clock-related gene underlies *Eps-3A<sup>m</sup>* in einkorn wheat

The circadian clock is an intrinsic regulator of biological processes oscillating with about a 24-hour period. It is considered to be the main mechanism by which plants recognize the optimal photoperiod for seasonal flowering. Transcriptional regulation of the circadian clock has been well described in *Arabidopsis* (Pokhilko et al., Mol. Syst. Biol. 8 (2012) with the latest model emphasizing the importance of the Evening Complex (EC) composed of EARLY FLOWERING 3, EARLY FLOWERING 4 and LUX ARRHYTHMO/PHYTOCLOCK 1 (ELF3, ELF4, LUX/ PCL1) proteins. In our DFG-funded project (P. Gawroński) a high-resolution mapping approach combined with mutant analysis revealed a cereal ortholog of *Arabidopsis thaliana* LUX ARRHYTHMO/PHYTOCLOCK 1 (LUX/ PCL1) as a promising candidate for the *earliness per se 3* (*Eps-3A<sup>m</sup>*) locus in einkorn wheat (*Triticum monococcum* L.). Using delayed fluorescence (DF) measurements

it was shown that *Eps-3A<sup>m</sup>* containing einkorn wheat accession KT3-5 had a distorted circadian clock (Gawroński and Schnurbusch, Mol. Breed. 30 (2012) 1097-1108; Gawroński et al. 2013, Genetics doi10.1534/genetics.113.158444). The hypothesis was subsequently confirmed by performing a time course study on central and output circadian clock genes, which showed arrhythmic transcript patterns in the KT3-5 mutant under constant ambient conditions, i.e. constant light and temperature. It was also demonstrated that variation in spikelet number between WT and mutants is sensitive to temperature, becoming negligible at 25 °C. These observations lead us to propose that the distorted clock is causative for both early flowering, and variation in spike size and spikelet number, and that having a dysfunctional LUX could have neutral, or even positive, effects in warmer climates. To test the latter hypothesis we ascertained sequence variation of LUX in a range of wheat germplasm. We observed a higher variation in the LUX sequence among accessions coming from the warmer climate and a unique in-frame mutation in early-flowering Chinese *T. turgidum* cultivar Tsing Hua no. 559. In this study on LUX ARRHYTHMO in einkorn wheat, we have provided further justification for circadian clock research in modern crops and a clear link to environmental adaptation and yield optimization. We have also shown that the most efficient route to follow can be screening for clock mutants by using the DF measurements and subsequently confirming putative mutations with the time course RT-qPCR. Further investigations are required, including those at the protein level, to bring more direct evidence for the existence and molecular function of an Evening Complex (EC) in cereal crops.



**Fig. 12**  
Six-rowed spike phenotypes of different *vrs* mutants (Koppolu et al., PNAS 2013).



**Fig. 13**  
Working model showing putative targets of *Vrs4/HvRA2* (Koppolu et al., PNAS 2013).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- BENNETT, D., A. IZANLOO, J. EDWARDS, H. KUCHEL, K. CHALMERS, M. TESTER, M. REYNOLDS, T. SCHNURBUSCH & P. LANGRIDGE: Identification of novel quantitative trait loci for days to ear emergence and flag leaf glaucousness in a bread wheat (*Triticum aestivum* L.) population adapted to southern Australian conditions. *Theor. Appl. Genet.* 124 (2012) 697-711.
- BENNETT, D., A. IZANLOO, M. REYNOLDS, H. KUCHEL, P. LANGRIDGE & T. SCHNURBUSCH: Genetic dissection of grain yield and physical grain quality in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under water-limited environments. *Theor. Appl. Genet.* 125 (2012) 255-271.
- BENNETT, D., M. REYNOLDS, D. MULLAN, A. IZANLOO, H. KUCHEL, P. LANGRIDGE & T. SCHNURBUSCH: Detection of two major grain yield QTL in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under heat, drought and high yield potential environments. *Theor. Appl. Genet.* 125 (2012) 1473-1485.
- BOWNE, J.B., T.A. ERWIN, J. JUTTNER, T. SCHNURBUSCH, P. LANGRIDGE, A. BACIC & U. ROESSNER: Drought responses of leaf tissues from wheat cultivars of differing drought tolerance at the metabolite level. *Mol. Plant* 5 (2012) 418-429.
- GAWROŃSKI, P. & T. SCHNURBUSCH: High density-mapping of the *earliness per se-3A<sup>m</sup>* (*Eps-3A<sup>m</sup>*) locus in diploid einkorn wheat and its relation to the syntenic regions in rice and *Brachypodium distachyon* L. *Mol. Breed.* 30 (2012) 1097-1108.
- MIEDANER, T., P. RISSER, S. PAILLARD, T. SCHNURBUSCH, B. KELLER, L. HARTL, J. HOLZAPFEL, V. KORZUN, E. EBMAYER & H.F. UTZ: Broad-spectrum resistance loci for three quantitatively inherited diseases in two



winter wheat populations. *Mol. Breed.* 29 (2012) 731-742.

SREENIVASULU, N. & T. SCHNURBUSCH: A genetic playground for enhancing grain number in cereals. *Trends Plant Sci.* 17 (2012) 91-101.

YOUSSEF, H.M., R. KOPPOLU & T. SCHNURBUSCH: Re-sequencing of *vrs1* and *int-c* loci shows that *labile* barleys (*Hordeum vulgare* convar. *labile*) have a six-rowed genetic background. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59 (2012) 1319-1328.

## 2013

KOPPOLU, R., N. ANWAR, S. SAKUMA, A. TAGIRI, U. LUNDQVIST, M. POURKHEIRANDISH, T. RUTTEN, C. SEILER, A. HIMMELBACH, R. ARIYADASA, H.M. YOUSSEF, N. STEIN, N. SREENIVASULU, T. KOMATSUDA & T. SCHNURBUSCH: *Six-rowed spike4 (Vrs4)* controls spikelet determinacy and row-type in barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (2013) 13198-13203.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

BENNETT, D.: A genetic dissection of drought and heat tolerance related traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). (PhD Thesis) The University of Adelaide, South Australia, Australia (2012) 140 pp.

### 2013

GAWROŃSKI, P.: *Earliness per se 3* locus from wheat (*Triticum* L. sp.) and barley (*Hordeum vulgare* L.) disrupts circadian clock function. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2013) 136 pp.

SCHNURBUSCH, T.: Molecular genetics of tolerance to high soil boron and drought in Australian wheat and barley germplasm. (Habilitation Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät III, Halle/S. (2013) 201 pp.

# PROGRAMME: MANAGEMENT AND EVALUATION

## Research Group: Resources Genetics and Reproduction

Head: Dr. Andreas Börner

### Scientists

#### IPK financed

Lohwasser, Ulrike, Dr.

Nagel, Manuela, Dr. (0,50, 01.04.2012-31.08.2012)

#### Grant Positions

Arana Ceballo, Fernando, Dr. (BMBF, since 01.01.2013)

Nagel, Manuela, Dr. (EU, since 01.01.2013)

Tikhenko, Natalia, Dr. (DFG, since 01.10.2013)

#### Visiting Scientists/Scholars

Allam, Mai (DAAD)

Bakhsh, Allah (DAAD, since 01.09.2012)

Edwan, Ahmad (Bioversity International, 17.06.-06.12.2013)

Gbolo Zoawe, Benjamin (GIZ, 04.02.-31.05.2013)

Nagel, Manuela, Dr. (self-financed, 01.01.-31.03.2012; 01.08.-31.12.2012)

Oludayo, Daniel Isaac, Dr. (self-financed, 03.08.-14.09.2012)

Rehman Arif, Mian Abdur (DAAD, till 01.05.2012)

Richards, Chris (self-financed, 26.05.-01.06.2013)

Senbeta Bedanie, Asnakech (GIZ, 07.05.-01.11.2013)

Shpylychyn, Vitaliy (Scholarship of Ukrainian Government, 01.01.-28.03.2012)

Thormann, Imke (self-financed, 20.05.-01.06.2013; 29.06.-06.07.2013)

Tikhenko, Natalia, Dr. (self-financed, 04.03.-03.05.2012; BMBF-BLE Scholarship, 29.01.-29.03.2013)

Tsegay, Hagos Gidey (GIZ, 07.05.-01.11.2013)

### Goals

Long term seed storage; reproduction, distribution, evaluation and genetic characterisation of genebank collections.

### Research Report

The total number of accessions maintained at the Gatersleben site comprises 130,984 samples, of which 123,788 are preserved in the cold store. Safety duplicates are available for 36,534 accessions (about 25 % of the whole collection). They are kept at the Global Seed Vault, Svalbard, Norway. In the two years 22,557 **germination tests** have been performed (S. Pistrick) and 57,748 accessions (excluding the External Branch) have been distributed to users. During the **regeneration** seasons 2011/2012 and 2012/2013 totals of 10,314 and 13,710 accessions were cultivated, respectively, including 963 and 3,973 samples grown for evaluation only (M. Grau, M. Kotter, K. Krusch, R. Kurch, B. Schmidt in collaboration with P. Schreiber, Experimental Fields and Nurseries). A taxonomic classification was performed for 7,847 accessions. Descriptor lists were designed or revised for species of the genera *Camelina*, *Carthamus*, *Datura*, *Daucus*, *Foeniculum*, *Helianthus* and *Thymus* (U. Lohwasser).

The main focus of the collection-related research is on **seed longevity**. Studies were performed in barley, wheat, oilseed rape, chickpea and tobacco. Beside bi-parental mapping populations genotyped association mapping panels are available.

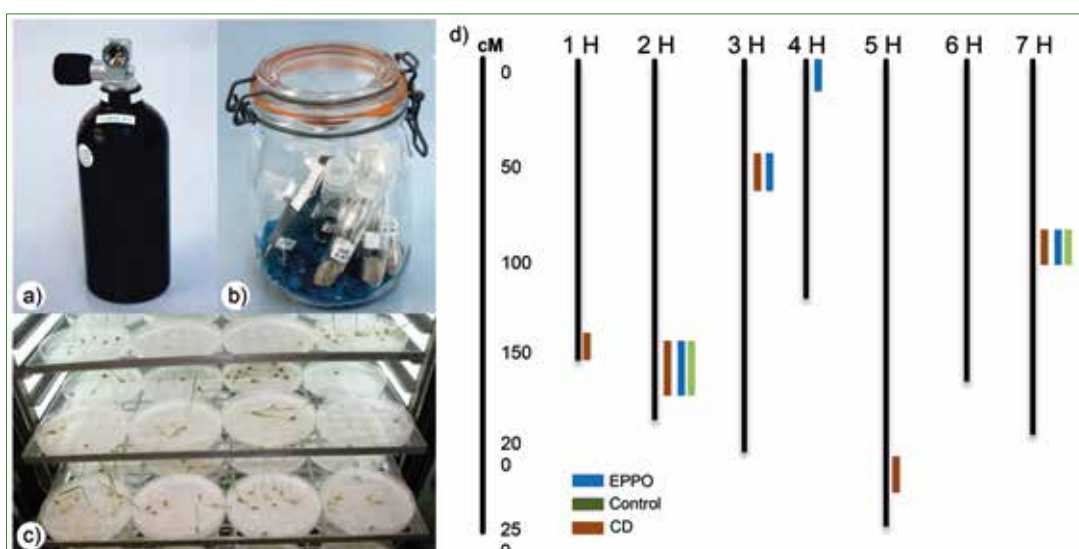


Fig. 14

Experimental ageing procedures using EPPO (Elevated Partial Pressure of Oxygen, 18 MP, 40 % RH, 20 °C, 9w) and CD (Controlled Deterioration at 44 °C, 18 % seed moisture content, 7d) reveals similar but also different genetic information in the Oregon Wolfe Barley (OWB) population. **a)** steel tank used for EPPO storage, **b)** glass jar filled with air and control samples placed in perforated tubes, **c)** germination of O<sub>2</sub> treated OWB lines, **d)** Quantitative Trait Loci (QTL) are shown for seed germination after EPPO, CD and control treatment. Variation in germination of 93 DH lines were analysed by Windows QTL Cartographer 2.5 using a backward regression mode. Significant loci (LOD > 3) were shown on all chromosomes. Most common QTL were found on 2H and 7H having an explained phenotypic variation up to 55 % (M. Nagel, A. Börner).

For wheat and barley panels consist of accessions showing high variation of germination after long term cold storage (35 - 40 years). These resources are unique and enable the detection of loci responsible for seed ageing under cold and dry conditions. Barley accessions will be further investigated in the frame of an **EU project** entitled 'Impacts of Environmental Conditions on Seed Quality' which started in 2013 (M. Nagel, M.A. Rehman Arif, A. Börner).

A bi-parental barley mapping population was investigated applying **elevated partial pressure of oxygen** (EPPO). The newly developed EPPO method reduces significantly germination within a short time (see Fig. 14, p. 40). The high-pressure oxygen triggers similar morphological ageing symptoms as dry storage. Common loci for dry storage, controlled deterioration and EPPO were detected on chromosomes 2H and 7H (M. Nagel, A. Börner).

In cooperation with the research group Heterosis (D. Riewe, Th. Altmann) **metabolite profiling** experiments (GC-MS/LC-MS) were initiated in wheat in order to identify compounds related to seed germination percentage. In addition to the ongoing work further studies are planned in barley aimed to identify metabolite markers for the prediction of seed germination in cereals.

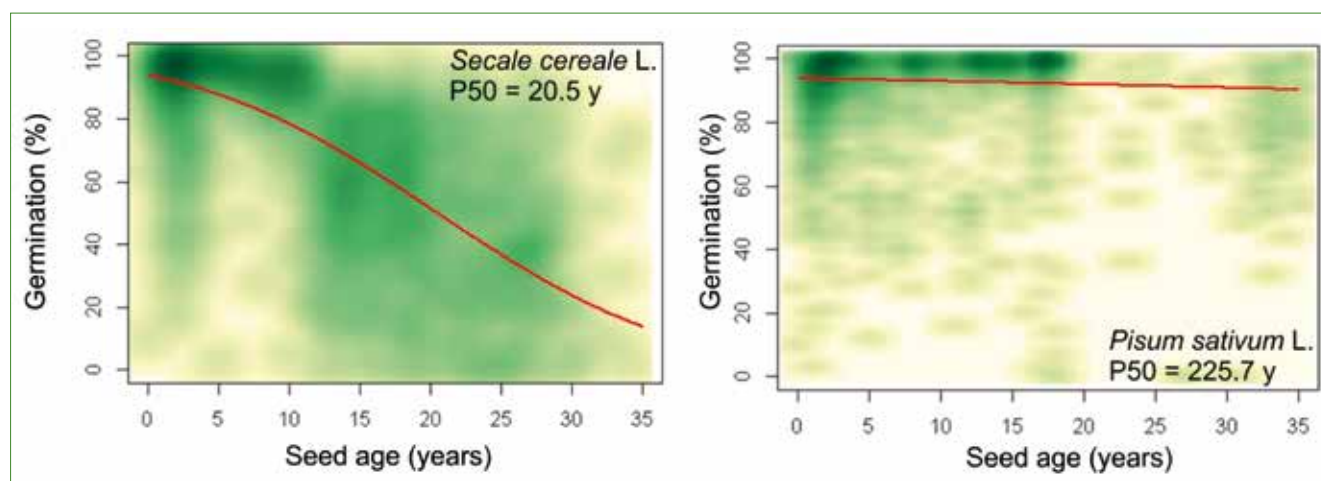
To investigate the genetics of seed longevity in oilseed rape (*Brassica napus* L.) a genetic mapping study was performed by exploiting a double haploid population regenerated in 2005, 2009 and 2012. Seed viability was determined after ambient storage and experimental seed ageing. Highly significant loci reaching LODs of up to 7.44 were detected (M. Allam, M. Nagel).

**Historical germination data** accumulated during 35 years of seed monitoring were analysed to predict species specific seed longevities at IPK storage conditions. The study considered 75 species having at least 100 germination data points. In total 157,402 observations comprising 79,075 accessions were

analysed (Fig. 15). The lowest P50 value (half viability period) was obtained for chives. Considering the size of the seeds a species-specific effect on viability was detected. In lentil, common bean, faba bean and linseed, larger seeds are associated with higher longevity but *vice versa* in oat, barley, sorghum, soybean, pea, white mustard and oilseed rape (M. Börner, M. Nagel in collaboration with M. Oppermann, research group Genebank Documentation).

Research to improve the utilisation of genebank collections is focused on cereals (wheat, barley, rye) with major emphasis on abiotic stress tolerance (frost, drought, pre-harvest sprouting, lodging). For **frost tolerance** a panel of 360 winter wheat accessions has been phenotyped at several locations in Germany and Russia/Siberia during two growing seasons. The material was also tested under artificial conditions in climate chambers at temperatures of -14 °C and -16 °C. Highly significant differences between locations but also between tested genotypes were observed. These results led to the conclusion that the association mapping approach will be feasible but needs to be performed for each location separately. Genome-wide genotyping was done by analysing 276 accessions exploiting the ILLUMINA infinium iSelect 90k wheat chip. This chip carries a total of 81,587 functional SNPs. Finally we did end up with 6,471 markers having valid information for final trait mapping within the panel under investigation (F. Arana-Ceballos, U. Lohwasser, A. Börner).

In cooperation with the research groups Structural Cell Biology and Gene and Genome Mapping the histology and genetics of the highly lodging resistant rye mutant '**Stabilstroh**' is investigated. The mutant is characterized by thicker sclerenchyma cell walls and inner periclinal cell walls of epidermal cells as well as by a higher ratio of the thickness of sclerenchyma to parenchyma. In a segregating population these parameters will be used to find loci responsible for improved lodging resistance (A. Muszynska, M. Melzer, M. Röder, A. Börner).



**Fig. 15** Historical germination data illustrate longevity characteristics of a short-living (left, rye) and long-living (right, pea) species. Green colouration – density of available germination data points, white area – no data points, red line – extrapolated viability curve, P50 – half-viability period (M. Börner, M. Nagel, M. Oppermann).

## Publications

## Peer Reviewed Papers

## 2012

- BÖRNER, A.: Nickolai Ivanovich Vavilov and his footprint on plant genetic resources conservation in Germany (in Russian). *Agrobiology (Сельскохозяйственная биология)* 5 (2012) 20-30.
- BÖRNER, A., E.K. KHLESTKINA, S. CHEBOTAR, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER: Molecular markers in management of *ex situ* PGR – A case study. *J. Biosci.* 37 (2012) 871-877.
- CHESNOKOV, Y.V., E.A. GONCHAROVA, N.V. POCHERNYA, M.N. SITNIKOV, N.V. KOCHERINA, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Identification and mapping of physiological-agronomic determinants of spring soft wheat (*Triticum aestivum* L.) in dose gradient of nitric nutrition (in Russian). *Agricult. Biol.* 3 (2012) 47-60.
- CHESNOKOV, Y.V., N.V. POCHERNYA, L.V. KOZLENKO, M.N. SITNIKOV, O.P. MITROFANOVA, V.V. SYUKOV, D.V. KOCHETKOV, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Mapping of QTLs determining the expression of agronomically and economically valuable features in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) grown in environmentally different Russia regions [in Russian]. *Vavilov J. Genet. Breed. (VOGiS Herald)* 16 (2012) 970-986.
- DANIEL, I.O., M. KRUSE & A. BÖRNER: Predicting longevity of *Celosia argentea* L. seeds during storage. *Acta Hort.* 953 (2012) 319-322.
- REHMAN ARIF, M.A., M. NAGEL, K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Genetic studies of seed longevity in hexaploid wheat using segregation and association mapping approaches. *Euphytica* 186 (2012) 1-13.
- REHMAN ARIF, M.A., K. NEUMANN, M. NAGEL, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: An association mapping analysis of dormancy and pre-harvest sprouting in wheat. *Euphytica* 188 (2012) 409-417.
- SIMÓN, M.A., C.A. CORDO, N.S. CASTILLO, P.C. STRUIK & A. BÖRNER: Population structure of *Mycosphaerella graminicola* and location of genes for resistance to the pathogen: Recent advances in Argentina. *Int. J. Agron.* 2012 (2012) 7 pages, Article ID 680275.
- SYUKOV, V.V., D.V. KOCHETKOV, N.V. KOCHERINA, Y.V. CHESNOKOV, A. BÖRNER & U. LOHWASSER: Detection of QTL, determining quantitative traits in spring wheat in the middle Volga region (in Russian). *The Bulletin of Saratov State Agrarian University in honor of N.I. Vavilov* 10 (2012) 91-95.
- TERESHCHENKO, O.Y., E.I. GORDEEVA, V.S. ARBUZOVA, A. BÖRNER & E.K. KHLESTKINA: The D genome carries a gene determining purple grain colour in wheat. *Cereal Res. Commun.* 40 (2012) 334-341.
- TOCHO, E., M. RICCI, M.S. TACALITI, D.O. GIMÉNEZ, A. ACEVEDO, U. LOHWASSER, A. BÖRNER & A. CASTRO: Mapping resistance genes conferring tolerance to RWA (*Diuraphis noxia*) in barley (*Hordeum vulgare*). *Euphytica* 188 (2012) 239-251.
- VAN TREUREN, R., P. COQUIN & U. LOHWASSER: Genetic resources collections of leafy vegetables (lettuce, spinach, chicory, artichoke, asparagus, lamb's lettuce, rhubarb and rocket salad):

composition and gaps. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59 (2012) 981-997.

- WEIDNER, A., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Mapping wheat powdery mildew resistance derived from *Aegilops markgrafii*. *Plant Genet. Resour.* 10 (2012) 137-140.
- ZAYNALI NEZHAD, K., W.E. WEBER, M.S. RÖDER, S. SHARMA, U. LOHWASSER, R.C. MEYER, B. SAAL & A. BÖRNER: QTL analysis for thousand-grain weight under terminal drought stress in bread wheat. *Euphytica* 186 (2012) 127-138.

## 2013

- AGACKA, M., A. DEPTA, M. BÖRNER, T. DOROSZEWSKA, F.R. HAY & A. BÖRNER: Viability of *Nicotiana* spp. seeds stored under ambient temperature. *Seed Sci. Technol.* 41 (2013) 474-478.
- DANIEL, I.O., M. KRUSE & A. BÖRNER: Controlled deterioration and predicting viability of okra seed in storage. *Int. J. Veget. Sci.* 19 (2013) 324-333.
- FUCHS, J., T. NEUBERGER, H. ROLLETSCHKE, S. SCHIEBOLD, T.H. NGUYEN, N. BORISJUK, G. MELKUS, A. BÖRNER, P. JAKOB & L. BORISJUK: A non-invasive platform for imaging and quantifying oil storage in sub-millimetre tobacco seed<sup>[WJ|OA]</sup>. *Plant Physiol.* 161 (2013) 583-593.
- LOHWASSER, U., M.A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER: Discovery of loci determining pre-harvest sprouting and dormancy in wheat and barley applying segregation and association mapping. *Biol. Plant.* 57 (2013) 663-674.
- MARTHE, F., T. BRUCHMÜLLER, A. BÖRNER & U. LOHWASSER: Variability in parsley (*Petroselinum crispum* [Mill.] Nyman) for reaction to *Septoria petroselini* Desm., *Plasmopara petroselini* Sävul. & O. Sävul. and *Erysiphe heraclei* DC. ex Saint-Aman causing *Septoria* blight, downy mildew and powdery mildew. *Genet. Resour. Crop Evol.* 60 (2013) 1007-1020.
- NAGEL, M., A.-K. BEHRENS & A. BÖRNER: Effects of *Rht* dwarfing alleles on wheat seed vigour after controlled deterioration. *Crop Pasture Sci.* 64 (2013) 857-864.
- OSIPOVA, S.V., A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA, M.A. GENAEV & A. BÖRNER: The antioxidant enzymes activity in leaves of inter-varietal substitution lines of wheat (*Triticum aestivum* L.) with different tolerance to soil water deficit. *Acta Physiol. Plant.* 35 (2013) 2455-2465.
- SCHATZKI, J., M. ALLAM, C. KLÖPPEL, M. NAGEL, A. BÖRNER & C. MÖLLERS: Genetic variation for secondary seed dormancy and seed longevity in a set of black-seeded European winter oilseed rape cultivars. *Plant Breed.* 132 (2013) 174-179.
- THORMANN, I., Q. YANG, C. ALLENDER, N. BAS, G. CAMPBELL, M.E. DULLOO, A.W. EBERT, U. LOHWASSER, C. PANDEY, L.D. ROBERTSON & O. SPELLMAN: Development of best practices for *ex situ* conservation of radish germplasm in the context of the crop genebank knowledge base. *Genet. Resour. Crop Evol.* 60 (2013) 1251-1262.
- TOCHO, E., A. BÖRNER, U. LOHWASSER & A. CASTRO: Mapping and candidate gene identification of loci determining tolerance to greenbug (*Schizaphis graminum* Rondani) in barley. *Euphytica* 191 (2013) 173-182.

## Books and Book Chapters

### 2012

- BOMME, U., W. BLASCHEK, W. HOPPE, U. LOHWASSER & A. RYSER: Alant (*Inula helenium* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 21-29.
- BOMME, U., W. BLASCHEK & U. LOHWASSER: Angelika, Engelwurz (*Angelica archangelica* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 30-38.
- BOMME, U., W. BLASCHEK & U. LOHWASSER: Kornblume (*Centaurea cyanus* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 688-695.
- BÖRNER, A. & B. KOBILJSKI (Eds.): Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 203 pp.
- CARLEN, C., W. BLASCHEK & U. LOHWASSER: Eibisch (*Althaea officinalis* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 357-363.
- ECHIM, T., U. LOHWASSER & E. TEUSCHER: Estragon (*Artemisia dracunculus* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 386-398.
- FOCHLER, U., J. GABLER, H. GERBER, B. HOPPE, W. KREIS & U. LOHWASSER: Fingerhut, Wolliger (*Digitalis lanata* Ehrh.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 406-426.
- GRAF, T., A. BIERTÜMPFEL, U. LOHWASSER & R. THOMANN: Diätlein (*Linum usitatissimum* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 323-336.
- HAMMER, M., W. JUNGHANNS, U. LOHWASSER, A. RYSER & M. TEGTMEIER: Benediktenkraut (*Cnicus benedictus* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 256-264.
- HEUBERGER, H., U. LOHWASSER, R. SCHMATZ & M. TEGTMEIER: Baldrian (*Valeriana officinalis* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 164-183.
- HONERMEIER, B. & U. LOHWASSER: Anis (*Pimpinella anisum* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 39-55.
- KAUFMANN, F., U. LOHWASSER, R. MARCHART & E. TEUSCHER: Kerbel (*Anthriscus cerefolium* [L.] Hoffm.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 649-656.
- LOHWASSER, U. & A. BÖRNER: Genbanken – Ressourcen für künftige Generationen. In: BETTE, K. & M. STEPHAN (Eds.): Biodiversität, Geistiges Eigentum und Innovation. BMELV (2012) 129-146.

- LOHWASSER, U., S. ZACHGO & A. BÖRNER (Eds.): Saatguterhaltung und Nutzbarmachung von Kulturpflanzen und heimischen Wildarten. Ber. Gesell. Pflanzenbauwissensch. 6 (2012) 92 pp.
- MÖHLER, M., W. BLASCHEK, U. LOHWASSER & E. WALTHER: Holunder (*Sambucus nigra* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 551-561.
- VAN BAVEL, A., U. LOHWASSER, M. SCHMIDT & C. STAIGER: Beinwell, Gemeiner (*Symphytum officinale* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 4, Arznei- und Gewürzpflanzen A-K. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2012) 238-255.

### 2013

- BIERTÜMPFEL, A., W. BLASCHEK, U. LOHWASSER & R. SCHMATZ: Pharmawei-de (*Salix daphnoides* Vill.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 5, Arznei- und Gewürzpflanzen L-Z. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2013) 351-358.
- BIERTÜMPFEL, A., U. LOHWASSER & R. SCHMATZ: Spitzwegerich (*Plantago lanceolata* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 5, Arznei- und Gewürzpflanzen L-Z. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2013) 564-569.
- BOMME, U., B. HONERMEIER, B. HOPPE, J. KITTLER, U. LOHWASSER & F. MARTHE: Melisse (*Melissa officinalis* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 5, Arznei- und Gewürzpflanzen L-Z. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2013) 151-173.
- DOBOS, G., U. LOHWASSER, E. SCHLIEPHAKE & R. SCHMATZ: Mohn (*Papaver somniferum* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 5, Arznei- und Gewürzpflanzen L-Z. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2013) 174-191.
- ECHIM, T., W. BLASCHEK & U. LOHWASSER: Ysop (*Hyssopus officinalis* L.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 5, Arznei- und Gewürzpflanzen L-Z. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2013) 721-728.
- RINDER, R. & U. LOHWASSER: Schabziegerklee (*Trigonella caerulea* [L.] Ser.). In: HOPPE, B. (Ed.): Handbuch der Arznei- und Gewürzpflanzen, Band 5, Arznei- und Gewürzpflanzen L-Z. Grafisches Centrum Cuno, Bernburg (2013) 446-452.

## Other Papers

### 2012

- ALLAM, M., M. NAGEL, R. SNOWDON, W. FRIEDT & A. BÖRNER: Genetic studies on seed longevity of oilseed rape (*Brassica napus* L.) stored under different conditions. Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. 6 (2012) 43-47.
- BÖRNER, A., F. FLEISCHER, E.I. GORDEEVA, J.K. HAILE, T. KARCEVA, E.K. KHLESTKINA, B. KOBILJSKI, S. LANDJEVA, U. LOHWASSER, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, N. TIKHENKO, M.S. RÖDER & C. VOLKMAR: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 58 (2012) 68-71.
- BÖRNER, A., E.K. KHLESTKINA, S. PSHENICHNIKOVA, S.V. OSIPOVA, B. KOBILJSKI, A.F. BALINT, S. LANDJEVA, A. GIURA, M.R. SIMON, M.A. REHMAN ARIF, K. NEUMANN, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER: Cereal genetic stocks

- examples of successful co-operation (2008 – 2011). Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/ Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 13-18.
- BÖRNER, A., M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, M. ALLAM & U. LOHWASSER: *Ex situ* genebank collections – important tools for plant genetics and breeding. In: BEDÖ, Z. & L. LANG (Eds.): Proceedings of the 19<sup>th</sup> EUCARPIA General Congress 'Plant Breeding for Future Generations', Budapest, Hungary, 21-24 May 2012. (2012) 69-72.
- CHEBOTAR, S., A. BÖRNER & V. KORZUN: Application of molecular markers for control of genetic authenticity in collections of genebanks. (ukrainisches Original: Saluchennja molekularnich markeriv do kontrolju genetičnoj avtentičnosti v kolekcijach genbankiv.). Proceedings of the Conference 'Genetic resources of plants for human needs' (Welika Bakta/Ukraina, 25.-27.05.2012) (2012) 140-141.
- KARCEVA, T., S. LANDJEVA & A. BÖRNER: Effects of wheat *Rht-B1b*, *Rht-B1c* and *Rht-D1b* genes on plant height and yield potential under the climatic conditions of Bulgaria. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/ Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 133-137.
- KHLESTKINA, E.K., O.Y. TERESHCHENKO, V.S. ARBUZOVA, A. BÖRNER, L.A. PERISHINA & E.A. SALINA: A new range of wheat precise genetic stocks application: insights into gene function. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 23-26.
- KOWALCZYK, K., A. BÖRNER, J. LEŚNIEWSKA-NOWAK, M. NOWAK & S. OKOŃ: Analysis of selected quantitative traits in *Triticum aestivum*/*Aegilops squarrosa* introgressive lines. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/ Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 139-141.
- KOWALCZYK, K., A. BÖRNER, M. NOWAK, J. LEŚNIEWSKA-NOWAK & M. ZAPALSKA: Characterization of quantitative traits of Steptoe × Morex barley (*Hordeum vulgare* L.) population. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 142-144.
- LOHWASSER, U. & A. BÖRNER: Saatgutqualität – von der Domestikation zum Qualitätsmanagement. In: VEREIN FÜR ARZNEI- & GEWÜRZPFLANZEN SALUPLANTA (Ed.): 22. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, 21./22. Februar 2012. Bernburg (2012) 17-19.
- LOHWASSER, U., M.A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER: Comparative mapping of loci determining pre-harvest sprouting and dormancy in wheat and barley. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 151-153.
- LOHWASSER, U., M.A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER: Lokalisierung von Genomregionen für Auswuchs und Dormanz bei Gerste und Weizen mittels klassischer QTL-Kartierung und Assoziationskartierung. Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. 6 (2012) 62-65.
- LOHWASSER, U., M.A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER: Studies on pre-harvest sprouting and dormancy in wheat and barley applying segregation and association mapping approaches. In: BEDÖ, Z. & L. LANG (Eds.): Proceedings of the 19<sup>th</sup> EUCARPIA General Congress 'Plant Breeding for Future Generations', Budapest, Hungary, 21-24 May 2012. (2012) 156-159.
- NAGEL, M.: Erhaltung von pflanzengenetischen Ressourcen in der bundeszentralen *ex situ* Genbank Gatersleben. Treffpunkt Biologische Vielfalt 11 (2012) 89-94.
- NAGEL, M., I.O. DANIEL, M. GÄBLER, R.K. PASAM, M.A. REHMAN ARIF, B. KILIAN & A. BÖRNER: Seed longevity in a barley collection – variation and gene identification. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/ Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 151-158.
- NAGEL, M., N.V. POCHEPNYA, V. SCHEIBAL, F. MARTHE, P. GEPTS & A. BÖRNER: Einfluss der Samenfarbe auf die Langlebigkeit von Gartenbohnen (*Phaseolus vulgaris* L.). Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. 6 (2012) 48-52.
- NEUMANN, K., B. KOBILJSKI, S. DENČIĆ, R.K. VARSHNEY & A. BÖRNER: Genome wide association mapping of agronomic traits in bread wheat. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 55-58.
- OSIPOVA, S.V., A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA & A. BÖRNER: Genetic variability of detoxification enzymes activity in leaves of inter-varietal substitution lines of bread wheat with different tolerance to water deficit. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 168-170.
- PSHENICHNIKOVA, T.A., E.K. KHLESTKINA, L.V. SHCHUKINA, A.V. SIMONOV, A.K. CHISTYAKOVA, E.V. MOROZOVA, S. LANDJEVA, T. KARCEVA & A. BÖRNER: Exploitation of Saratovskaya 29 (Janetzki's Probat 4D\*7A) substitution and derivative lines for comprehensive phenotyping and molecular mapping of quantitative trait loci (QTL). Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 19-22.
- REHMAN ARIF, M.A., M. NAGEL, K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Genome-wide association mapping of seed longevity, dormancy and pre-harvest sprouting in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 182-184.
- REHMAN ARIF, M.A., M. NAGEL, K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Seed longevity, dormancy and pre-harvest sprouting in wheat (*Triticum aestivum* L.) – an association mapping analysis. Ber. Ges. Pflanzenbauwiss. 6 (2012) 89-92.
- SALEM, K.F.M., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Evaluation of genetic diversity among Egyptian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties during the period 1947-2004 using microsatellite markers. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 185-191.

## 2013

- BÖRNER, A., A. BAKHSH, E.I. GORDEEVA, E.K. KHLESTKINA, S. KOLLERS, J. LING, U. LOHWASSER, M. NAGEL, S. NAVAkode, S.V. OSIPOVA, A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA, M.A. REHMAN ARIF, M.S. RÖDER, M.R. SIMON, N. TIKHENKO & C. VOLKMAR: Items from Germany. *Ann. Wheat Newsl.* 59 (2013) 9-14.
- CHESNOKOV, Y.V., M.N. SITNIKOV, N.V. SCHUMLYANSKAYA, N.V. KOCHERINA, E.A. GONCHAROVA, L.V. KOZLENKO, V.V. SYUKOV, D.V. KOCHETKOV, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Recombinant inbred lines of ITMI mapping population of soft spring wheat *Triticum aestivum* L. (ecology-geographic trials and QTL mapping). *Catalogue of VIR World Collection: Issue 813*, VIR: Saint Petersburg (2013) 68 pp.
- GENZEL, F.: Gartenmelde neu entdeckt. *Gemüse* 11 (2013) 50-52.
- LOHWASSER, U., K. BOLLMANN & A. BÖRNER: Morphologische Untersuchungen der Gaterslebener Thymian-Kollektion. In: VEREIN FÜR ARZNEI- & GEWÜRZPFLANZEN SALUPLANTA (Ed.): 23. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, 19./20. Februar 2013. Bernburg (2013) 23-25.
- NAGEL, M., S. NAVAkode, M.M. NACHIT, M. BAUM, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Durum in a changing climate – drought stress during growing seasons in Syria. Tagungsband der 63. Jahrestagung der Vereinigung der Pflanzzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 19.-21.11.2012, Vereinigung der Pflanzzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Raumberg-Gumpenstein/Austria, (2013) 83-85.
- SCHIMMEL, J., U. LOHWASSER, A. BÖRNER & J. DEGENHARDT: Phytochemische Untersuchungen der Gaterslebener Thymian-Kollektion. In: VEREIN FÜR ARZNEI- & GEWÜRZPFLANZEN SALUPLANTA (Ed.): 23. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, 19./20. Februar 2013. Bernburg (2013) 25-26.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

- FUCHS, F.: Untersuchung eines Weizensortimentes auf die Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici* und *Sitodiplosis mosellana*. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 69 pp.
- GÄBLER, M.: Genetische Untersuchungen zur Triebkraft von Gerschenkaryopsen (*Hordeum vulgare* L.) in einer hochauflösenden Kartierungspopulation. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 84 pp.
- JÖDDICKE, E.: 110 Jahre Sommergerstenzüchtung in Deutschland. (Bachelor Thesis) Fachhochschule Erfurt, Fakultät Landwirtschaftsarchitektur, Gartenbau und Forst, Fachrichtung Gartenbau, Erfurt (2012) 67 pp.
- MÄNNEL, M.: Prüfung von Winterweizenherkünften auf Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken – Ährenbonitur im Sortiment „Boris 96“ 2011. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 72 pp.

- REHMAN ARIF, M.A.: Seed longevity and dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.) – phenotypic variation and genetic mapping. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 193 pp.
- RICHTER, M.: Prüfung des Weizensortimentes „Boris 96“ auf Anfälligkeit gegenüber Getreide-Thysanopteren. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 52 pp.
- SCHIBAL, V.: Bestimmung genetischer Ursachen zur Langlebigkeit von Gartenbohnen im Hinblick auf unterschiedliche Bohnenfarben. (Master Thesis) Julius-Maximilians-Universität Würzburg, Lehrstuhl für Botanik II – Ökophysiologie und Vegetationsökologie, Würzburg (2012) 52 pp.

### 2013

- BÖRNER, M.: Die Keimfähigkeit von Kulturpflanzensamen: Lagerungszeit, Samengröße, Ursprungsland, Pflanzenfamilie, Inhaltsstoffe und Bestäubungstyp. (Master Thesis) Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Agrarwissenschaften, Abteilung Agrarökologie, Göttingen (2013) 123 pp.
- CLEMENZ, C.: Prüfung von Sommerweizenherkünften auf ihre Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken am Standort Gatersleben 2013. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 84 pp.
- GEHAUF, M.: Assoziationsstudie zur Anfälligkeit von Getreidethysanopteren im Winterweizen – Sortiment „Boris 96“. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 61 pp.
- GENZEL, F.: Morphologische, phytochemische und molekulare Untersuchungen zur intraspezifischen Diversität von Melde (*Atriplex hortensis* L.). (Master Thesis) Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Urbane Ökophysiologie der Pflanzen, Berlin (2013) 97 pp.
- HORN, J.: Evaluierungsstudie zur Prüfung eines Weizensortimentes auf Resistenz gegenüber Weizengallmücken am Julius Kühn-Institut Quedlinburg. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 64 pp.
- KRETZSCHMAR, T.: Prüfung von Sommerweizenherkünften auf ihre Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 107 pp.
- RETHFELD, R.: Studie zum Auftreten von Getreideblattläusen im Winterweizensortiment „Boris 96“ am Standort Gatersleben – 2013. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 59 pp.
- SCHMIDT, U.F.: Mehrjährige Ergebnisse zum Befall von Winterweizen durch die Sattelmücke (*Haplodiplosis marginata*).

(Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg,  
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Na-  
turwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 120 pp.

**Additional Publications 2011**

FLEISCHER, F.: Prüfung von Winterweizenherkünften auf Anfäl-  
ligkeit gegenüber Weizengallmücken. (Bachelor Thesis)  
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2011)  
68 pp.



# Research Group: *In vitro* Storage and Cryopreservation

Head: Dr. Joachim Keller

## Scientists

*IPK financed*

Subbarayan, Karthikeyan, Dr. (0,50, 01.04.-30.09.2013)

*Grant Positions*

Phan, Viet Quoc (0,60 SAW-WGL, since 01.09.2013)

*Visiting Scientists/Scholars*

Kumar, Vinod, Dr. (NAIP, 09.01.-07.04.2012)

Subbarayan, Karthikeyan, Dr. (Leibniz-DAAD-Programme, 01.01.2012-31.03.2013; self-financed, 01.10.-30.11.2013)

Ulagappan, Kamatchi (self-financed, 21.05.-20.10.2013)

## Goals

*In vitro* maintenance of vegetatively propagated genebank accessions, cryopreservation of potato, garlic, and mint. Research

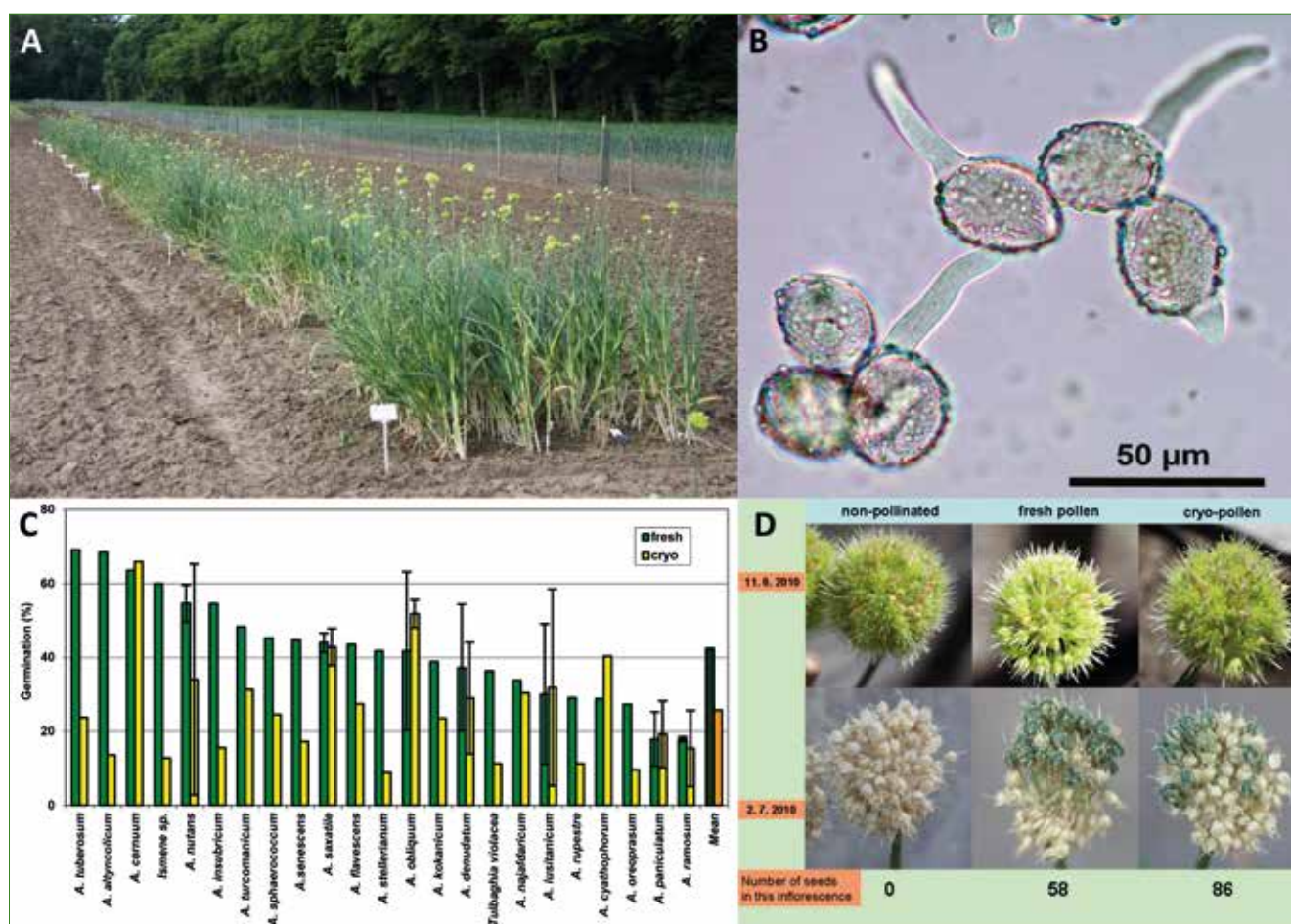
on tissue water conditions, cold adaptation and responses to oxidative stress connected with influence of ultra-low temperatures on plant organs. Integration of new cryopreservation strategies, such as pollen storage, into germplasm management.

## Research Report

Accessions of the genera **Allium**, **Antirrhinum**, **Artemisia**, **Brassica**, **Dioscorea**, **Mentha**, **Orthosiphon**, and **Sechium** are in the *in vitro* maintenance in total comprising **298 genebank accessions**. For distribution to the users **9 samples of mint accessions were provided** (M. Gröbe, D. Büchner, A. Senula).

The **cryo-collection of potato** was increased to **1403 clones**. **For distribution to the users and research projects 215 samples** were provided to the Satellite Collections North (M. Gröbe).

The collection of **alliums** established in **cryopreservation** amounts to **112 accessions, amongst them 105 of garlic**, 2 of



**Fig. 16** **A:** Plot of the model species *Allium obliquum*, 13.6.2013; **B:** Pollen germination in medium with 15 % sucrose, 4.6.2010; **C:** Comparison of germination percentages in fresh pollen and pollen of 23 species of *Allium* and other Amaryllidaceae species stored for two years until 2013; **D:** *A. obliquum* seed set after pollination between June 7 and 14, 2010 (J. Keller).

shallot, 2 of *Allium* hybrids and 3 of *A. obliquum*. The transfer of **virus-free garlic** material into protected greenhouse and field conditions continued. Virus-free material was provided to the cryopreservation routine (A. Senula, D. Büchner, J. Keller).

The **droplet vitrification** method was further used routinely for cold-hardened plants of mint. A total of **97 accessions from 15 species** are in cryopreservation with 200 explants each. Regeneration rates varied between 30 and 98 %. The **improvement of shallot cryopreservation** continued using droplet vitrification with PVS3 and explants directly extracted from field-grown bulbs. The focus was laid on the influence of the **bulb storage period** after harvest. The efficacy of adding ascorbic acid to the regeneration medium was preliminarily investigated. Best regeneration was obtained with bulbs stored for 5–8 months after harvest under cold and dry conditions (A. Senula).

The **garlic collection of the European Cooperative Project EURALLIVEG** was completed by inclusion of 5 accessions from France and Italy (D. Büchner).

**Pollen cryopreservation** of *Allium* species and other Amaryllidaceae was continued. Fresh pollen of 176 accessions within 81 species was tested with mean germination percentage of 21.3 %. In 23 species, direct comparison showed that the mean germination percentage of cryopreserved pollen was 25.8 % in contrast to fresh pollen with 42.5 % in all 34,900 pollen grains counted. Two model species were used to count seed set. In ***Allium cepa*, the seed set** with cryopreserved pollen was 23 % of the value after pollination with fresh pollen. In the other species, ***A. obliquum***, this value was even 62 %. Therefore, the **pollen cryopreservation** is proven to represent a **suitable strategy** for *Allium* germplasm. No dependence was found of the germination percentages on the position of the given species in the system of the genus *Allium* (A. Senula, D. Büchner, J. Keller, see Fig. 16, p. 47).

Investigations of **factors of oxidative stress** were continued in garlic shoot tips. Malondialdehyde and changes in the concentration of amino acid were measured by means of HPLC and spectrometry (K. Subbarayan, J. Keller).

The research group participated in the **European COST action "Endophytes in Biotechnology and Agriculture"** FA 1103. Endophytes were detected in material of *in vitro* cultures and from cryopreservation in collaboration with the German Collection of Microorganisms and Cell Cultures (DSMZ) Braunschweig. They were isolated and determined. Selected strains were used for **experiments on effects of antibiotics** to suppress their growth in the critical phase of rewarming after cryopreservation. First results confirmed **usability of cephalixin and cephotaxim** after cryopreservation of mint, garlic and potato (A. Senula, M. Grube, D. Büchner).

The participation to a **collaborative project "Cryo Stress" (SAW project)**, granted by the Leibniz Association WGL, was started. The research group contributes with investigations of the **water status within the various biological systems** using differential scanning calorimetry (plant cell and organ cultures, algae, fungal cells, microorganisms and human cells) (A. Senula, M. Grube).

The **European Allium Database EALLDB** was further improved by new search functions in collaboration with the research group Genebank Documentation (J. Keller, M. Oppermann). Plantlets obtained from cryopreservation of potato and cryopreservation and *in vitro* storage of mint were provided to **investigations on genetic stability** to the Satellite Collections North (potato), IPK, and the Polytechnical University of Madrid (mint). No significant aberrations were found (M. Grube, A. Senula).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

COLMSEE, C., E.R.J. KELLER, C. ZANKE, A. SENULA, T. FUNKE, M. OPPERMANN, S. WEISE & U. SCHOLZ: The Garlic and Shallot Core Collection image database of IPK presenting two vegetatively maintained crops in the Federal *ex situ* genebank for agricultural and horticultural crops at Gatersleben, Germany. Genet. Resour. Crop Evol. 59 (2012) 1407-1415.

KELLER, E.R.J., F.R. BLATTNER, R.M. FRITSCH, K. PISTRICK, A. SENULA & C.D. ZANKE: The genus *Allium* in the Gatersleben plant collections – Progress in germplasm preservation, characterization and phylogenetic analysis. Proc. VI<sup>th</sup> Int. Symp. on Edible Alliaceae. Fukuoka, Japan 2012. Acta Hort. 969 (2012) 273-287.

KELLER, E.R.J., B. PANIS & F. ENGELMANN: *In vitro* storage and cryopreservation as substantial complements in concerted actions to better maintain and use crop germplasm. Proc. 7<sup>th</sup> Int. Symp. *In Vitro* Culture and Horticultural Breeding 12-22 Sept. 2011. Gent, Belgium. Acta Hort. 961 (2012) 35-50.

KELLER, E.R.J., C.D. ZANKE, F.R. BLATTNER, C. KIK, H. STAVĚLÍKOVÁ, J. ZAMEČNÍK, F. ESNAULT, T. KOTLIŇSKÁ, S. SOLBERG & V. MICCOLIS: EURALLIVEG: Establishment of a European core collection by cryopreservation and virus elimination in garlic. Acta Hort. 969 (2012) 319-327.

#### 2013

KELLER, E.R.J., C.D. ZANKE, A. SENULA, B. BREUING, B. HARDEWEG & T. WINKELMANN: Comparing costs for different conservation strategies of garlic (*Allium sativum* L.) germplasm in genebanks. Genet. Resour. Crop Evol. 60 (2013) 913-926.

MARTÍN, C., A. SENULA, I. GONZÁLEZ, A. ACOSTA, E.R.J. KELLER & M.E. GONZÁLEZ-BENITO: Genetic identity of three mint accessions stored by different conservation procedures: field collection, *in vitro* and cryopreservation. Genet. Resour. Crop Evol. 60 (2013) 243-249.

### Books and Book Chapters

#### 2013

KELLER, E.R.J. & A. SENULA: Micropropagation and cryopreservation of garlic (*Allium sativum* L.). In: LAMBARDI, M., E.A. OZUDOGRU & S.M. JAIN (Eds.): Protocols for Micropropagation of Selected Economically-Important Horticultural Plants, Meth. Mol. Biol. 11013. Springer Science + Business Media, New York (2013) 353-368.

KELLER, E.R.J., A. SENULA, M. HÖFER, M. HEINE-DOBBERNACK & H.M. SCHUMACHER: Cryopreservation of plant cells. In: FLICKINGER, M.C. (Ed.): Encyclopedia of Industrial Biotechnology: Bioprocess, Bioseparation, and Cell Technology. John Wiley & Sons, (2013) 1-14.

## Other Papers

### 2012

KELLER, E.R.J.: *Allium* Working Group met for the seventh time in Thessaloniki, Greece. Biovers. Newslett. Europe 44 (2012) 4.

### Additional Publications 2011

DAUNAY, M.C., C. ALLENDER, D. ASTLEY, N. BAS, W. VAN DOOIJEWERT, R. VAN TREUREN, F. BRANCA, M.J. DIEZ, E. GEOFFRIAU, E.R.J. KELLER, T. KOTLIŃSKA, K. SMÉKALOVÁ, J. ENGELS & L. MAGGIONI: More efficient conservation and use of vegetable genetic resources in Europe: ECPGR achievements and perspectives. XXVIII<sup>th</sup> International Horticultural Congress, Lisbon, Portugal, August 22-27, 2010. Acta Horticult. 418 (2011) 405-417.

GRAPIN, A., E.R.J. KELLER, P.T. LYNCH, B. PANIS, A. REVILLA BAHILLO & F. ENGELMANN (Eds.): Cryopreservation of crop species in Europe. COST Action 871. Proc. final meeting. Angers, France, February 08-11, 2011. COST, Brussels (2011) 233 pp.

KELLER, E.R.J., H.M. SCHUMACHER, M. HÖFER, A. MEIER-DINKEL, K. ZOGLAUER & I. PINKER: Country Report: Germany. In: GRAPIN, A., E.R.J. KELLER, P.T. LYNCH, B. PANIS, A. REVILLA BAHILLO & F. ENGELMANN (Eds.): Cryopreservation of crop species in Europe. COST Action 871. Proc. final meeting. Angers, France, February 08-11, 2011. COST, Brussels (2011) 195-198.

KELLER, E.R.J., A. SENULA, C. ZANKE, M. GRÜBE & A. KACZMARCZYK: Cryopreservation and *in vitro* culture – state of the art as conservation strategy for genebanks. XXVIII<sup>th</sup> International Horticultural Congress, Lisbon, Portugal, August 22-27, 2010. Acta Horticult. 918 (2011) 99-111.

KELLER, E.R.J., A. SENULA, C. ZANKE, M. GRÜBE, A. KACZMARCZYK, A. NUKARI, D. TEYSSÉDRE, C. KREMER MORALES, J. EDESI, M. PELC & M. OLASOCHACKA: Ways of collaboration – COST Short-Term Scientific Missions on three crops and their outcomes – potato, garlic and mint. In: GRAPIN, A., E.R.J. KELLER, P.T. LYNCH, B. PANIS, A. REVILLA BAHILLO & F. ENGELMANN (Eds.): Cryopreservation of crop species in Europe. COST Action 871. Proc. final meeting. Angers, France, February 08-11, 2011. COST, Brussels (2011) 110-115.

MARTÍN, C., A. SENULA, I. GONZALEZ, M.E. GONZALEZ-BENITO & E.R.J. KELLER: The role of cryopreservation in the long-term conservation of vegetatively propagated plants. In: GRAPIN, A., E.R.J. KELLER, P.T. LYNCH, B. PANIS, A. REVILLA BAHILLO & F. ENGELMANN (Eds.): Cryopreservation of crop species in Europe. COST Action 871. Proc. final meeting. Angers, France, February 08-11, 2011. COST, Brussels (2011) 28-32.

## Research Group: Satellite Collections North

Head: Dr. Klaus J. Dehmer

### Scientists

#### IPK financed

Nehrlich, Stephanie (0,50, till 31.05.2012)

Willner, Evelin (0,50/1,00)

#### Grant Positions

Diekmann, Kerstin, Dr. (BMBF, till 31.03.2012; BMELV, since 01.04.2012)

Gerson, Lydia (0,50 Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, till 30.09.2012)

Liu, Siyang (0,50 BMELV/FNR, since 01.03.2013)

Nehrlich, Stephanie (0,50 BMELV, since 01.06.2012)

Witter, Steffi (0,50 BMELV/FNR, till 30.09.2012)

#### Visiting Scientists/Scholars

Gerson, Lydia (self-financed, 01.10.2012-31.12.2013)

### Goals

Collection and conservation management of potato, oil and fodder crop genetic resources; characterization and evaluation, research on and valorization of Plant Genetic Resources (PGR).

### Research Report

The **Groß Lüsewitz Potato Collections** (GLKS; K.J. Dehmer) maintain **6,124 accessions** from **140 tuber bearing *Solanum* species** within three separate collections. These are a collection of clonally propagated genotypes of Andean or equatorial origin (AKS; 535 entries, mainly seven cultivated species), a collection of 2,743 *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum* cultivars, landraces or breeding lines (KKS, vegetatively propagated), and a collection of 2,846 accessions of 139 wild and cultivated species from Southern and Central America (WKS, sexually propagated).

As a **result of evaluations** carried out in cooperation with external partners, several accessions and genotypes resistant to three major potato pests could be detected: For the cyst nematode ***Globodera pallida***, 10 accessions and 81 genotypes exhibited the Pa2/3 resistance phenotype (152 WKS accessions/764 genotypes tested by the State Plant Protection Office Rostock). With regard to ***Phytophthora infestans***, 15 accessions and 93 genotypes could be shown to be very resistant to leaf infections (23 WKS accessions/139 genotypes tested by Julius Kühn Institute, Institute for Breeding Research on Agricultural Crops JKI/ZL). Against tuber infections, 65 accessions/306 genotypes out of 138 WKS accessions/690 genotypes were resistant with one accession/15 genotypes being even very resistant (JKI/ZL).

Potato wart infections with race 18 of the fungus ***Synchytrium endobioticum*** led to the identification of three resistant accessions (out of 75 GLKS entries tested at Julius Kühn Institute, Institute for Plant Protection in Field Crops and Grassland, JKI/A). In addition, 75 entries were **evaluated for their taste, averaging at 3.6** (scale 1/best to 9/worst; GLKS).

Within a project on increased dry matter yield in starch potatoes (S. Nehrlich, K. Löschner), **starch content** was determined in tubers of 1,177 KKS and 28 AKS accessions. Compared to modern starch varieties, several **GLKS entries yielded higher starch levels** both in 2012 and 2013 (Fig. 17, p. 51), while also very low starch levels were found (cooperation with JKI/ZL and breeding company).

The extent of genetic diversity in all clonally propagated potato accessions at GLKS is in the focus of a SSR genotyping project (K. Diekmann). The respective microsatellite banding patterns permitted the confirmation of 27 actual out of 43 potential duplicate groups in a subset of 96 accessions. Furthermore, some correlations between molecular clustering and geographic origin of the potato entries was indicated (cooperation with LfL, JKI/ZL, organic farming associations, organic growers).

Via an *in vitro* screening system, data on the nitrogen use efficiency and drought stress tolerance of individual genotypes from selected wild species accessions are generated within a FNR funded project (K. Löschner, K.J. Dehmer; in cooperation with JKI/RS and Leibniz University Hannover). More than 350 wild potato genotypes were established *in vitro*. Tuber material from most of these genotypes was produced in the greenhouse and transferred to the project partners for proteome analyses.

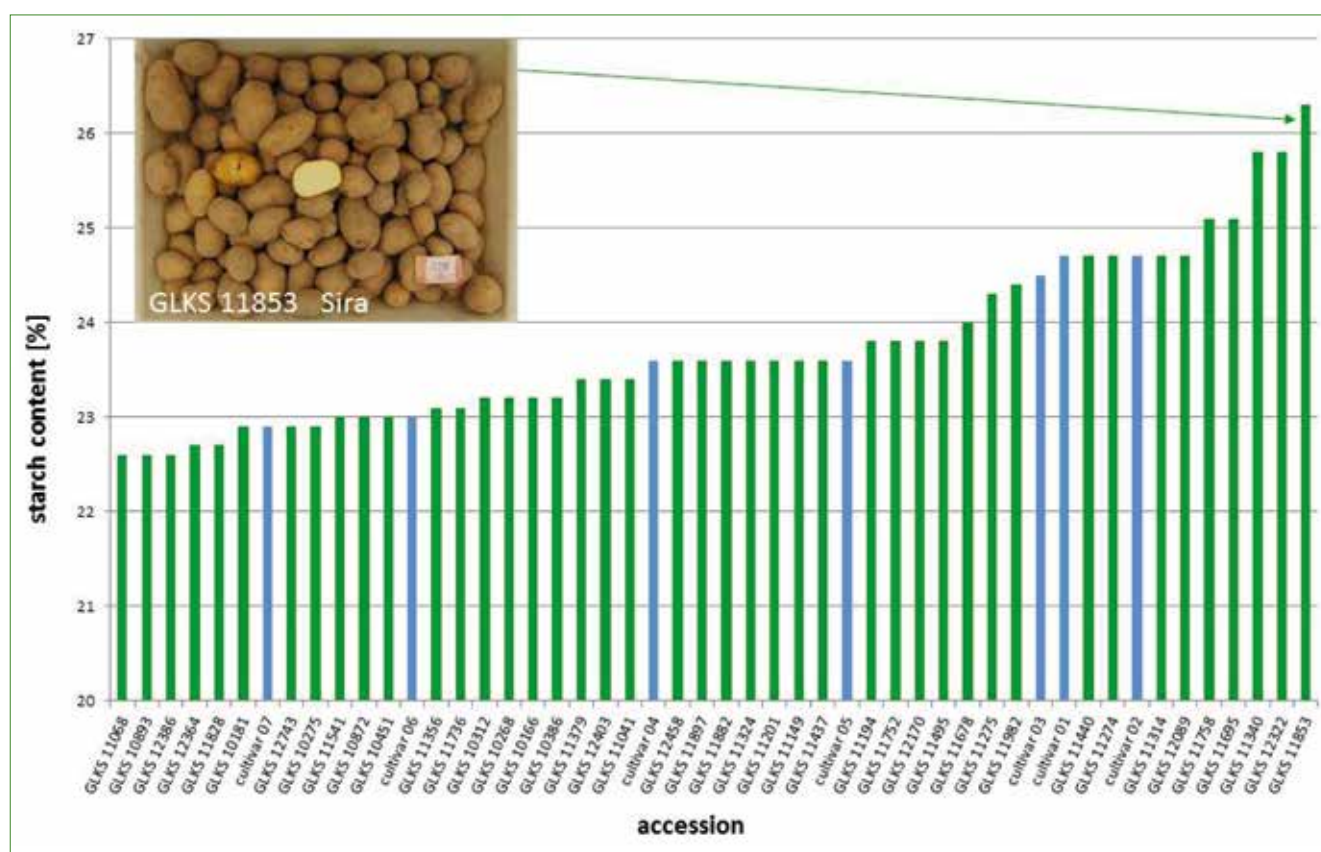
Concerning PGR maintenance work at the GLKS in 2012 and 2013, 262 WKS accessions were successfully multiplied in the greenhouse, another 10 in screenhouses at Malchow/Poel. **Germination rates** were determined for **2,654 WKS entries**, the **mean germination rate being 73.7 %** (M. Vandrey).

A total of 114 AKS and 1,199 KKS accessions were cultivated in the field and phenotyped for 15 traits (U. Behrendt). Via *in vitro* culture, approximately 2,500 KKS and 535 AKS accessions are maintained, **2,799 *in vitro* samples** (92 %) are **free of** the six most common **potato viruses** (K. Görke). More than 1,300 KKS accessions are cryopreserved at IPK Gatersleben (research group *In vitro* Storage and Cryopreservation).

The State Plant Protection Offices at Hannover and Rostock tested GLKS accessions for quarantine viruses (357 samples), quarantine bacteria (1,367), and PSTVd (4,384) as a routine procedure and before distribution.

**4,476 potato accessions** (2012: 2,211; 2013: 2,265) were distributed in the context of **615 requests** (340; 275).

The Malchow/Poel **Oil Plants and Fodder Crops Collections** (E. Willner, S. Nehrlich) maintain 10,462 samples of (fodder) grasses, 2,490 oil plants and 1,331 forage legumes (total: **14,283 accessions**).



**Fig. 17** Comparison of tuber starch content of Groß Lüsewitz Potato Collections (GLKS) potato accessions (green columns) vs. modern starch cultivars (blue columns). Shown are the 50 genotypes with the highest starch content, based on the evaluation of tubers harvested from the field in 2013. Top left: tubers of GLKS 11523/Sira, showing a starch content of 26.3 % (S. Nehrlich, K.J. Dehmer).

Regarding research, first **CANCOR analyses of C&E-data** from previous years, carried out in co-operation with INRA Lusignan, showed that **latitude and longitude** of the geographic origin of an accession were strong determinants of the natural phenotypic diversity of perennial ryegrass – e.g. traits like heading date, disease resistances, greenness before/after winter - at the European scale (S. Nehrlich).

In cooperation with LfL Freising-Weihenstephan, **the complex trait ‘persistence’** was analyzed in *Lolium perenne* (L. Gerson). Here, phenotypic data from the field as well as SNP analyses failed to yield consistent correlations to persistence.

Molecular marker data (DARs, SNPs, SSRs) did not confirm the presence of **heterotic groups** as a basis for hybrid breeding for **biomass production in *Lolium*** (S. Witter, S. Liu; in cooperation with JKI/Institute for Crop and Soil Science PB, breeding companies, Schmack Biogas and University of Göttingen). The evaluation of field data and their correlation to the marker data is still ongoing.

First year results from a research project on **drought tolerance in *Lolium*** (V. Mieke, E. Willner; in cooperation with LfL and JKI/RS) showed a **differentiation between genotypes/entries** regarding drought stress susceptibility in field and rain-out-shelter trials; these results have to be confirmed in the second and third year trials. From these entries, a smaller subset was selected based on stress performance, regenerated and distributed to the partners for further evaluations.

The **European Central *Poa* Database with currently 6,507 accessions** was developed further in co-operation with I.D.

Thomas, IBERS, Aberystwyth, with regard to the determination of AEGIS accessions for the EURO-Genebank. Of 1,232 *Poa* accessions of the IPK forage collection, 380 were determined as AEGIS accessions, being unique and valuable (E. Willner). (<https://www.google.com/fusiontables/DataSource?docid=1ZeSijEPVgMDLEc4ZjpdxfTaVIUKwwWfpGlo23k>).

In respect to classical genebank work, 3,078 accessions were cultivated in 2012 (1,649 entries) and 2013 (1,429 accs.), either for regeneration (1,428) and characterization (1,542) or for evaluation.

Analyses on the actual state of successful regenerations from 2012 showed that 72 % of the respective seed lots (605 out of 830 accessions) could be split according to FAO genebank standards (ABS system). This level has to be maintained in order to regenerate all Malchow samples successfully within 25 years, which represents the average shelf life of the oil and fodder crop seed samples. Here, success rates vary between 87 % (crucifers), 79 % (grasses) and 10 % (legumes). The latter group will be in the focus of future regenerations.

According to FAO genebank standards, **82 %** of the whole Malchow collection is **stored as an active and base collection** and is available for seed requests, while **74 % is stored as safety duplicate** at the Svalbard Global Seed Vault.

**Characterizations** for 15 traits were performed on 1,542 grass accessions for an initial description of their phenotypical traits as well as for the confirmation of their botanical classification.

**Field evaluations** were carried out for *Lolium perenne* (45 accessions as recently bred material in cooperation with LFA), which were compared to standard varieties in a three-year trial for trait variability and green matter yield (K. Ploen).

**Germination tests** were conducted for 13,462 accessions, the **average germination rate** was **86.9 %** (R. Rudloff).

A total of **3,868 samples** (2,561; 1,307) **were provided to 295 users** (159; 136).

## Publications

### *Peer Reviewed Papers*

#### **2012**

KREYLING, J., D. THIEL, K. SIMMNACHER, E. WILLNER, A. JENTSCH & C. BEIERKUHNLIN: Geographic origin and past climatic experience influence the response to late spring frost in four common grass species of Central Europe. *Ecography* 35 (2012) 268-275.

SEIBT, K.M., T. WENKE, C. WOLLRAB, H. JUNGHANS, K. MUDERS, K.J. DEHMER, K. DIEKMANN & T. SCHMIDT: Development and application of SINE-based markers for genotyping of potato varieties. *Theor. Appl. Genet.* 125 (2012) 185-196.

### **Books and Book Chapters**

#### **2013**

NEHRLICH, S., E. WILLNER & K.J. DEHMER: Characterization and evaluation of genebank accessions as a pre-selection instruments for plant breeding objectives and strategies. In: BARTH, S. & D. MILBOURNE (Eds.): *Breeding strategies for sustainable forage and turf grass improvement*. Springer Science+Business Media, Dordrecht, The Netherlands (2013) 301-305.

# PROGRAMME: TAXONOMY AND EVOLUTION

## Research Group: Experimental Taxonomy

Head: Dr. Frank Blattner

### Scientists

#### IPK financed

Bini, Federica, Dr. (since 01.06.2012)  
 Brassac, Jonathan (0,50, 01.02.-30.09.2013)  
 Pistrick, Klaus, Dr.

#### Grant Positions

Bernhardt, Nadine (0,65 DFG)  
 Brassac, Jonathan (0,65 DFG, till 31.01.2013)  
 Harpke, Dörte, Dr. (0,50 DFG, till 14.11.2012)  
 Herrmann, Katja (0,65 DFG)  
 Šarhanová, Petra (0,65 DFG, since 01.07.2012)

#### Visiting Scientists/Scholars

Bordbar, Firouzeh (Scholarship of Iranian Ministry, 02.03.-15.07.2013)  
 Brassac, Jonathan (self-financed, since 01.10.2013)  
 Fritsch, Reinhard, Dr. (DFG)  
 Nürk, Nicolai Matthias, Dr. (DFG, till 15.02.2013)  
 Roofgar, Azadeh Akhavan (self-financed, 23.08.-15.11.2012)  
 Šarhanová, Petra (DAAD, till 30.06.2012)

### Goals

**Phylogenetic classification** and analysis of **evolution** of crops and their wild relatives. Experimental studies to link **molecular markers** and **phylogenetic data** with **ecological** and **morphological traits**, and to analyze **plant-environment interdependency** on and below the species level in an evolutionary framework. The other important part of the work of the group regards **curatorial management of the taxonomic collections**, particularly the **herbarium** of the IPK, and **nomenclaturally suitable treatments** of taxa.

### Research Report

The major aim of the group is to understand mechanisms resulting in **speciation** processes in specific plant groups. This involves the study of the **distribution** of species, populations and genotypes **in time and space** together with the analysis of character state changes involved in **environmental adaptation** and **reproductive isolation**. Characters like abiotic stress tolerance or flowering time influence the ecological niches of organisms and are often also **important agronomic traits**. In the process of such analyses **new taxa** are often recognised and published according to the rules of botanical nomenclature, with **reference specimens** (types) deposited in the **herbarium** of the IPK.

As a summary of several years of fieldwork in Iran and adjacent countries a revision of **Allium** subgenus *Melanocrommyum* for the Flora of Iran was finished (Fritsch and Abbasi 2013), providing detailed descriptions of already known and new species and intrageneric taxa, as well as identification keys and photographs for all up to now recognized taxa of this group occurring in Iran. Overall more than 30 new *Allium* species were described for Iran and neighbouring regions during the last years, rendering this area a diversity hotspot of *Allium* (R. Fritsch).

In the barley genus **Hordeum** we analyse all aspects related to phylogeny, speciation and ecological adaptation. To enable studies of polyploid taxa it is necessary to know if polyploids originated as auto- or allopolyploids and, in the case of allopolyploids, identify the parental species. In the last years two phylogenetic studies were conducted. The first involved the use of a nuclear single-copy locus (*TOPO6*) that was PCR amplified, cloned and sequenced in all taxa of the genus (Brassac et al. 2012). The second approach used PCR amplification of 13 loci, individual-specific barcoding of amplicons, and second-generation sequencing of pooled fragments. Our analyses showed, that the second approach results in much better resolution of species relationships involving a comparable amount of work. The multilocus data resulted in the most comprehensive dataset for a *Hordeum* phylogeny up-to-date and resolves for the first time relationships for all di- and polyploid taxa within a single analysis (J. Brassac).

To understand the influence of **flowering-time** differences on species stability in sympatric geographical settings in Patagonia the analysis of all genes known to influence the time of flower setting in *Hordeum* are currently analysed for three *Hordeum* species from southern Patagonia (within the DFG priority program on flowering time). For these genes hybridisation probes were designed and used to capture the respective loci for individuals from different populations of the study species. Currently sequencing of the gene-enriched libraries is ongoing and should result in knowledge of allele diversity under different geographic and population biologic conditions (K. Herrmann).

The genus **Crocus** was thought to consist of about 80 species distributed from Western Europe to the western-most parts of China. Many *Crocus* species are used as ornamentals, and saffron (*Crocus sativus*) is the most expensive spice by weight (see Fig. 18, p. 54). Within a DFG-funded project we constructed a phylogeny of the genus based on nuclear and chloroplast marker regions. Currently we are in the process to propose a new systematic and nomenclature for the genus that more closely reflects the phylogenetic data. This involves description of new species, so that the species number within the genus is

now estimated to be closer to 160 than 80. In-detail molecular and morphological analyses of several subgroups of *Crocus* were recently started to provide deeper insights in the interrelation of chromosome number changes, geographical isolation and speciation events (D. Harpke).



**Fig. 18**  
*Crocus tahtaliensis* from southern Turkey. This species is one of the newly described taxa (Kerndorff et al. 2013) recognized during fieldwork in Anatolia and through the analysis of molecular markers. Photograph taken by E. Pasche at the type location at Mount Tahtali.

A project aiming at clarifying the phylogeny of **Hordeae** (formerly **Triticeae**) uses 400 genes, evenly distributed among the chromosomes of the taxa, which are captured by hybridisation probes and afterwards sequenced on the Illumina NGS platform. Capture probes were designed based on multiple-sequence alignments of full-length cDNA with known chromosomal positions from *Hordeum vulgare*, *Triticum aestivum* and *Brachypodium distachyon*. In parallel, single-seed descent populations were built for the study, and genome sizes were measured to get information on the ploidy level of the study materials. First tests show that sequence capture with exon-based probes also obtain intron information and, thus, provides access to these faster evolving parts of the genome (N. Bernhardt).

As a follow-up study of an earlier analysis that showed that *Hordeum* species endured ice-age climate changes *in situ* in the Patagonian steppe we are now analysing the reaction of the **woody** part of **steppe vegetation** on Pleistocene cold cycles. For typical bushes of the Patagonian steppe, population samples were collected and will be analysed to obtain phylogeographic patterns, which should allow reconstructing migration routes and population demography. We like to see if only herbaceous species were able to resist changing climate conditions or if this was also possible for other members of the steppe. This DFG-funded project is conducted in coopera-

tion with C. Ezcurra from the University of Bariloche, Argentina (P. Šarhanová).

A DFG-funded project on **Hypericum** systematics was finished. The project was part of a cooperation with the Natural History Museum London, and connected to other *Hypericum* projects in the groups of T. Sharbel and H. Bäumlein at the IPK and M. Koch's group at the University of Heidelberg. A molecular phylogeny of the genus was published (Nürk et al. 2013) that provides new insights in taxonomic groups within the genus and infers complex intercontinental colonisation patterns. Based on this work N. Nürk was able to receive DFG-funding for a follow-up project on the rapid radiation of *Hypericum* in Andean South America that he conducts now in M. Koch's group in Heidelberg. Together with L. Altschmied and H. Bäumlein we are currently working on a sequence of the *H. perforatum* genome that will be important to understand mechanisms leading to apomixis in this species and to get insights in pathways resulting in the pharmaceutically important secondary compounds of St. John's wort.

The **herbarium** of the IPK holds currently a collection of 427,000 vouchers, with additional 104,000 samples in the seed and fruit and 54,000 in the spike collections. During the last two years more than 10,000 new specimens were included in the collection, mostly reference materials of genebank accessions, but also representing samples collected during field trips and type specimens of newly described taxa. Thus, the herbarium is an integral part for documenting biodiversity-related research within the IPK. In the frame of a DFG-funded project in cooperation with the Genebank Documentation group (H. Knüpper, Cong Khac Dung, M. Oppermann) 11,706 crop and wild plant specimens of IPK's herbarium have been scanned and will be made online accessible via the "Virtual Herbaria" portal of the database system JACQ, developed at the Department of Botany of the Museum of Natural History, Vienna (H. Rainer, K. Pistrick).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

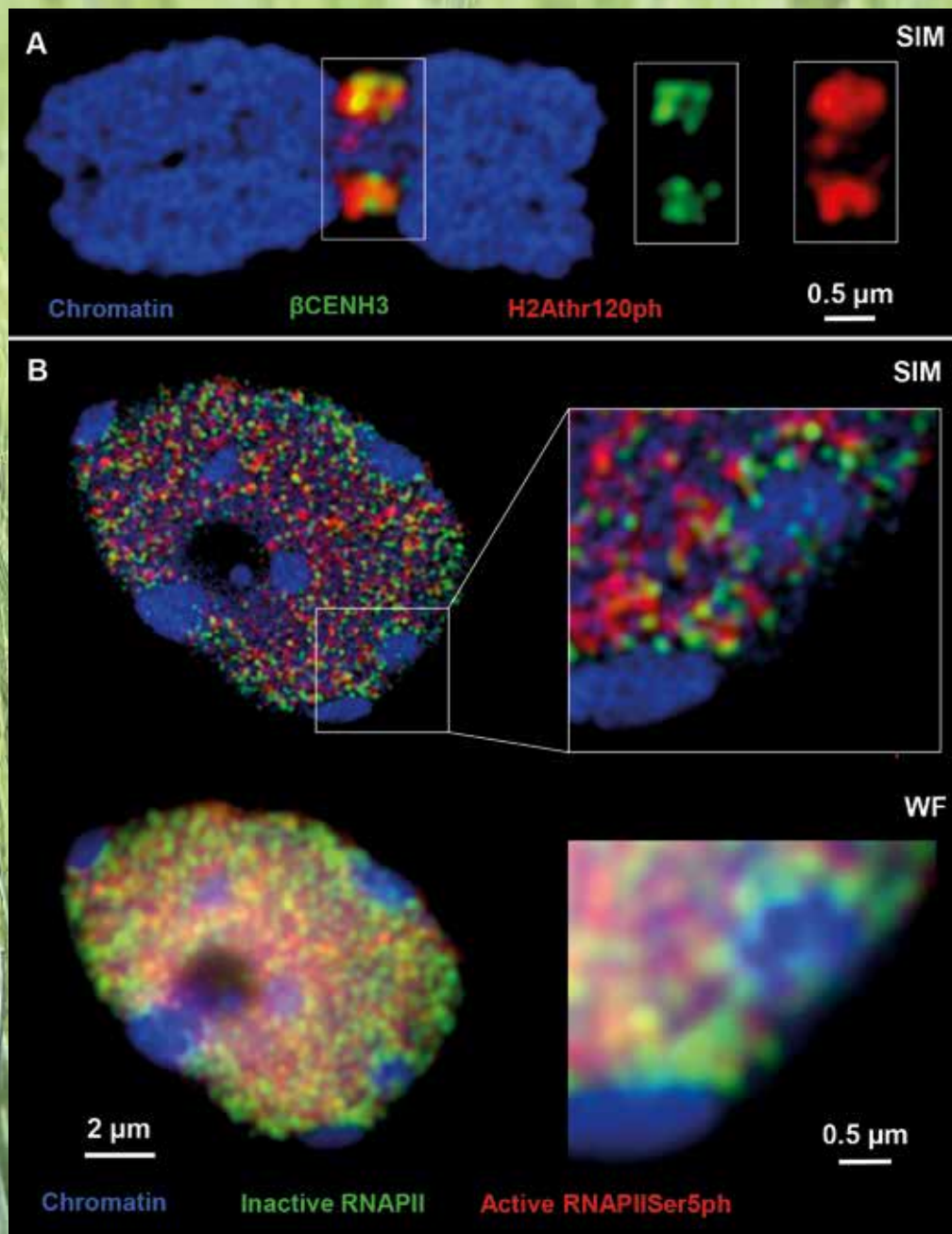
#### 2012

- BENOR, S., S. DEMISSEW, K. HAMMER & F.R. BLATTNER: Genetic diversity and relationships in *Corchorus olitorius* (Malvaceae s.l.) inferred from molecular and morphological data. Genet. Resour. Crop Evol. 59 (2012) 1125-1146.
- BRASSAC, J., S.S. JAKOB & F.R. BLATTNER: Progenitor-derivative relationships of *Hordeum* polyploids (Poaceae, Triticeae) inferred from sequences of *TOPO6*, a nuclear low-copy gene region. PLoS One 7 (2012) e33808.
- CELEP, F., M. KOYUNCU, R.M. FRITSCH, A. KAHRAMAN & M. DOĞAN: Taxonomic importance of seed morphology in *Allium* (Amaryllidaceae). Syst. Bot. 37 (2012) 893-912.
- FRITSCH, R.M.: Geographic relations and morphological variation inside molecular clades of Central Asian *Allium* species of subg. *Melanocrommyum* (Amaryllidaceae). Verh. Zool.-Bot. Ges. Österreich 148/149 (2012) 245-263.



- FRITSCH, R.M.: Lectotypification of *Allium haemanthoides*, *A. stenopetalum* and *A. reflexum* (*Allium* L. subg. *Melanocrommyum* (Webb & Berthel.) Rouy, Amaryllidaceae). *Ann. Naturhist. Mus. Wien*, B 113 (2012) 261-262.
- FRITSCH, R.M.: Illustrated key to the sections and subsections and brief general circumscription of *Allium* subg. *Melanocrommyum*. *Phyton* 52 (2012) 1-37.
- GURUSHIDZE, M., J. FUCHS & F.R. BLATTNER: The evolution of genome size variation in drumstick onions (*Allium* subgenus *Melanocrommyum*). *Syst. Bot.* 37 (2012) 96-104.
- KELLER, E.R.J., F.R. BLATTNER, R.M. FRITSCH, K. PISTRICK, A. SENULA & C.D. ZANKE: The genus *Allium* in the Gatersleben plant collections – Progress in germplasm preservation, characterization and phylogenetic analysis. Proc. VI<sup>th</sup> Int. Symp. on Edible *Alliaceae*, Fukuoka/Japan 2012. *Acta Hort.* 969 (2012) 273-287.
- KELLER, E.R.J., C.D. ZANKE, F.R. BLATTNER, C. KIK, H. STAVĚLÍKOVÁ, J. ZÁMEČNÍK, F. ESNAULT, T. KOTLIŇSKÁ, S. SOLBERG & V. MICCOLIS: EURAL-LIVEG: Establishment of a European Core collection by cryopreservation and virus elimination in garlic. *Acta Hort.* 969 (2012) 319-327.
- KERNENDORFF, H., E. PASCHE, D. HARPKE & F.R. BLATTNER: Seven new species of *Crocus* (Liliiflorae, Iridaceae) from Turkey. *Stapfia* 97 (2012) 3-16.
- KOHL, S., J. HOLLMANN, F.R. BLATTNER, V. RADCHUK, F. ANDERSCH, B. STEUERNAGEL, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, K. KRUPINSKA, H. WEBER & W. WESCHKE: A putative role for amino acid permeases in sink-source communication of barley tissues uncovered by RNA-seq. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 154.
- MARTIS, M.M., S. KLEMMER, A.M. BANAEI MOGHADDAM, F.R. BLATTNER, J. MACAS, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, H. GUNDLACH, T. WICKER, H. ŠIMKOVÁ, P. NOVÁK, P. NEUMANN, M. KUBALÁKOVÁ, E. BAUER, G. HASENEYER, J. FUCHS, J. DOLEŽEL, N. STEIN, K.F.X. MAYER & A. HOUBEN: Selfish supernumerary chromosome reveals its origin as a mosaic of host genome and organellar sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 13343-13346.
- ŠARHANOVÁ, P., R.J. VAŠUT, M. DANČÁK, P. BUREŠ & B. TRÁVNÍČEK: New insights into the variability of reproduction modes in European populations of *Rubus* subgen. *Rubus*: how sexual are polyploid brambles? *Sex. Plant Reprod.* 25 (2012) 319-335.
- SHUTOV, A.D., F.R. BLATTNER, I.A. KAKHOVSKAYA & K. MÜNTZ: New aspects of the molecular evolution of legumains, Asn-specific cysteine proteinases. *J. Plant Physiol.* 169 (2012) 319-321.
- 2013**
- FRITSCH, R.M. & M. AMINI RAD: *Allium pseudostrictum* (Amaryllidaceae), a new record from Iran. *Rostaniha* 14 (2013) 81-84.
- HARPKE, D., S. MENG, T. RUTTEN, H. KERNENDORFF & F.R. BLATTNER: Phylogeny of *Crocus* (Iridaceae) based on one chloroplast and two nuclear loci: Ancient hybridization and chromosome number evolution. *Mol. Phylogenet. Evol.* 66 (2013) 617-627.
- KERNENDORFF, H., E. PASCHE, F.R. BLATTNER & D. HARPKE: Fourteen new species of *Crocus* (Liliiflorae, Iridaceae) from West, South-West and South-Central Turkey. *Stapfia* 99 (2013) 145-158.
- KERNENDORFF, H., E. PASCHE, F.R. BLATTNER & D. HARPKE: *Crocus biflorus* Miller (Liliiflorae, Iridaceae) in Anatolia – Part IV. *Stapfia* 99 (2013) 141-144.
- KERNENDORFF, H., E. PASCHE, F.R. BLATTNER & D. HARPKE: A new species of *Crocus* (Liliiflorae, Iridaceae) from Turkey. *Stapfia* 99 (2013) 159-186.
- MARQUES, A., A.M. BANAEI-MOGHADDAM, S. KLEMMER, F.R. BLATTNER, K. NIWA, M. GUERRA & A. HOUBEN: B chromosomes of rye are highly conserved and accompanied the development of early agriculture. *Ann. Bot.* 112 (2013) 527-534.
- MASCHER, M., T.A. RICHMOND, D.J. GERHARDT, A. HIMMELBACH, L. CLISSOLD, D. SAMPATH, S. AYLING, B. STEUERNAGEL, M. PFEIFER, M. D'ASCENZO, E.D. AKHUNOV, P.E. HEDLEY, A.M. GONZALES, P.L. MORRELL, B. KILIAN, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ, K.F. MAYER, A.J. FLAVELL, G.J. MUEHLBAUER, R. WAUGH, J.A. JEDDELOH & N. STEIN: Barley whole exome capture: a tool for genomic research in the genus *Hordeum* and beyond. *Plant J.* 76 (2013) 494-505.
- NÜRK, N.M., S. MADRIÑAN, M.A. CARINE, M.W. CHASE & F.R. BLATTNER: Molecular phylogenetics and morphological evolution of St. John's wort (*Hypericum*; Hypericaceae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 66 (2013) 1-16.
- PLEINES, T., K. ESFELD, F.R. BLATTNER & M. THIV: Ecotypes and genetic structure of *Rhinanthus alectorolophus* (Orobanchaceae) in southwestern Germany. *Plant Syst. Evol.* 299 (2013) 1523-1535.
- TISON, J.M., A. PETERSON, D. HARPKE & L. PERUZZI: Reticulate evolution of the critical Mediterranean *Gagea* sect. *Didymobulbos* (Liliaceae) and its taxonomic implications. *Plant Syst. Evol.* 299 (2013) 413-438.
- Books and Book Chapters**
- 2013**
- FRITSCH, R.M. & M. ABBASI: A taxonomic review of *Allium* subg. *Melanocrommyum* in Iran. IPK Gatersleben (2013) 244 pp.
- Other Papers**
- 2012**
- HILBIG, W., K. PISTRICK, N. NARANTUJAA & C. SANČIR: Beitrag zur Kenntnis der Flora der östlichen Mongolei (Ostmongolischer Florenbezirk und angrenzende Gebiete). *Erforsch. Biol. Ress. Mongolei (Halle/S.)* 12 (2012) 371-393.
- OYUNTSETSEG, B., F.R. BLATTNER & N. FRIESEN: Diploid *Allium ramosum* from East Mongolia: A missing link for the origin of the crop species *A. tuberosum*? *Erforsch. Biol. Ress. Mongolei (Halle/S.)* 12 (2012) 415-424.
- Additional Publications 2011**
- FRAGMAN-SAPIR, O. & R.M. FRITSCH: New species of *Allium* sect. *Melanocrommyum* from the eastern Mediterranean. *Herbertia* 65 (2011) 31-50.
- KERNENDORFF, H., E. PASCHE, D. HARPKE & F.R. BLATTNER: Three new species of *Crocus* (Liliiflorae, Iridaceae) from Turkey. *Stapfia* 95 (2011) 99-105.

# Abteilung Cytoenetik und Genomanalyse/ Department of Cytogenetics and Genome Analysis



**Abb. 19**

Metaphasechromosom (A) und Interphase-Kern (B), aufgenommen bei strukturierter Beleuchtung (SIM) mit dem Elyra im Vergleich zu konventioneller Weitfeld-Mikroskopie (WF). Die mit DAPI (Markierung von Chromatin, blau), Alexa488 (grün) und TexaRed (rot) markierten Strukturen, die mit konventioneller Mikroskopie nicht sichtbar sind, werden bei einer Auflösung von  $\sim 100$  nm analysierbar.

(A)  $\beta$ CENH3 und Histone H2Athr120ph der Gerste sind in unterschiedliche Nucleosomen eingebaut, die eigene, teilweise miteinander vermischte, Chromatin-Strukturen bilden (D. Demidov et al., CGR im Druck).

(B) Active und inactive RNA Polymerase II-Moleküle, die im Nucleolus und Heterochromatin abwesend sind, bilden eigenständige netzartige Strukturen in einem 8C *Arabidopsis thaliana*-Kern (V. Schubert, CGR im Druck).

**Fig. 19**

Metaphase chromosome (A) and interphase nucleus (B), captured by Structured Illumination Microscopy (SIM) using the Elyra in comparison to conventional fluorescence wide-field (WF) microscopy. DAPI (general chromatin-labelling, blue), as well as Alexa 488 (green) and TexaRed (red) labelled structures are detectable at a resolution of  $\sim 100$  nm that are not visible with conventional microscopy.

(A) Barley  $\beta$ CENH3 and histone H2Athr120ph are incorporated into different nucleosomes which form distinct partly intermingling chromatin structures (D. Demidov et al., CGR in print).

(B) Active and inactive RNA polymerase II molecules absent within nucleolus and heterochromatin compose distinct reticulate structures in an 8C *Arabidopsis thaliana* nucleus (V. Schubert, CGR in print).

## Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

Leiter: Prof. Dr. Ingo Schubert  
(bis 31.12.2012)

Leiter: Prof. Dr. Jochen C. Reif  
(seit 01.01.2013)

### Allgemeine Forschungsziele

Die Forschungsschwerpunkte der Abteilung sind das vertiefte Verständnis der genetischen Architektur komplexer Merkmale und die Aufklärung der Funktion, Regulierung und Evolution von Chromosomen hauptsächlich in Kulturpflanzen.

### Entwicklung im Berichtszeitraum

Die Arbeitsgruppen (Ag) Karyotypevolution und Epigenetik wurden zum 31.12.2012 geschlossen. Arbeiten der Ag Karyotypevolution werden im Rahmen einer Projektgruppe innerhalb der Ag Quantitative Genetik weitergeführt. Somit besteht die Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse seit dem 01.01.2013 aus sieben Arbeitsgruppen.

Die Ag Chromosomenstruktur und -funktion sowie die Ag Apomixis beschäftigen sich hauptsächlich mit cytogenetischen Fragestellungen. Experimentelle Untersuchungen der genetischen Architektur komplex vererbter Merkmale unter Einbeziehung genomweiter revers-genetischer Ansätze stehen im Fokus der Arbeiten der Gruppen Genomplastizität, Gen- und Genomkartierung und Pathogenstress-Genomik. Der Schwerpunkt der Forschungstätigkeit der Ag Quantitative Genetik und der Ag Bioinformatik und Informationstechnologie liegt in der Entwicklung und Validierung von innovativen Algorithmen im Bereich der statistischen und computergestützten Genomik. Entsprechend der Forschungsschwerpunkte ist die Abteilung in die drei Bereiche Cytogenetik, Funktionelle Genomanalyse und Statistische und Computergestützte Genomik gegliedert.

Für die institutsweite und die institutsübergreifende Zusammenarbeit spielten 2012/2013 lasergestützte Durchflusszytometrie, superhochauflösende Mikroskopie, genom-weite Kartierungsansätze und Sequenzanalyse eine wesentliche Rolle. Alle Gruppen der Abteilung kooperierten innerhalb und außerhalb des IPK. Für die vielfältig verflochtene Zusammenarbeit zwischen den Gruppen der Abteilung, innerhalb des IPK und darüber hinaus sei auf die Berichte der jeweiligen Arbeitsgruppen und deren Publikationsverzeichnisse verwiesen.

Unter den in 2012/2013 erbrachten Forschungsleistungen seien die folgenden besonders hervorgehoben:

### Erfolgreiche Manipulation von Pflanzenchromosomen

Die Struktur und Funktion von Chromatin-Domänen im Verlauf des Zellzyklus wurden am IPK bisher durch konventionelle Fluoreszenz- und Konfokal-Mikroskopie analysiert. Die physikalisch bedingte Auflösungsgrenze dieser Mikroskope beträgt

## Department of Cytogenetics and Genome Analysis

Head: Prof. Ingo Schubert  
(till 31.12.2012)

Head: Prof. Jochen C. Reif  
(since 01.01.2013)

### Research Goals

Our research goals are the dissection of the genetic architecture of complex traits and the analyses of function, regulation and evolution of chromosomes mainly in crops.

### Developments in 2012 and 2013

The research groups Karyotype Evolution and Epigenetics have been closed down since 31.12.2012. The research conducted within the research group Karyotype Evolution is continued in the framework of a project team within the group Quantitative Genetics. Hence, the Department of Cytogenetics and Genome Analysis comprises since 01.01.2013 seven research groups.

The groups of Chromosome Structure and Function as well as Apomixis are mainly engaged in cytogenetic research. The three groups of Genome Plasticity, Gene and Genome Mapping, and Pathogen Stress Genomics focus on experimental studies of the genetic architecture of complex traits through the use of genome-wide forward and reverse genetic approaches. The research activities of the groups Quantitative Genetics and Bioinformatics and Information Technology mainly concentrate on implementing and validating innovative algorithms in the fields of statistical and computational genomics. As a consequence of the research focuses, the department is structured in the three divisions Cytogenetics, Functional Genome Analyses, and Statistical and Computational Genomics.

Flow-cytometry, super-high-resolution microscopy, genome-wide mapping approaches, and sequence analyses were important issues for collaboration within the department and with other groups inside and outside the IPK during the last two years. All groups of the department collaborated with internal and external partners of the IPK. For the multiple cooperative links of the individual groups see their detailed reports and publication records.

The following scientific achievements are considered as highlights of the department in 2012/2013:

### Successful application of the super-high-resolution microscopy Elyra

Previously, the structure and function of chromatin domains during the cell cycle were studied at the IPK using conventional fluorescence and confocal microscopy. The physically presupposed limit of resolution of these microscopes is ~250 nm. Meanwhile, a Super Resolution Fluorescence Microscope Elyra PS.1 (ZEISS) allowing the duplication of conventional fluores-

~250 nm. Inzwischen besitzt das IPK ein Superhochauflösendes Fluoreszenzmikroskop Elyra PS.1 (ZEISS), das durch die Anwendung Strukturierter Beleuchtung (SIM) eine Verdoppelung der konventionellen Auflösung erlaubt. Bei einer Auflösung von ~100 nm werden dadurch Strukturen sichtbar, die bisher nicht-selektiv nur durch Elektronenmikroskopie identifiziert werden konnten. Durch die Anwendung der SIM-Technik werden nunmehr Chromatin-Strukturen, die bisher nicht detektiert werden konnten, in fixiertem Gewebe (Fig. 19, S. 56, V. Schubert) und *in vivo* differenziell sichtbar gemacht. Wir verwendeten SIM, um die Substrukturen der Zentromeren von Metaphasechromosomen des Roggens (Banaei-Moghaddam et al. 2012, Plant Cell) und der Gerste (Demidov et al., CGR im Druck) aufzuklären. Zusätzlich wurde die Verteilung und Organisation von unterschiedlichem Chromatin und spezifischen Proteinen, die für die Architektur und Funktion von Chromosomen und Interphase-Kernen von *Arabidopsis* (Schubert et al. 2013, Chromosoma; Dürr et al., NAR im Druck; Schubert, CGR im Druck), *Luzula* (Heckmann et al. 2013, Plant J.) und *Aegilops* (Ruban et al., eingereicht) von Bedeutung sind, aufgeklärt.

### Apomixis entstand mehrfach in der Evolution

Bei asexueller Vermehrung wird erwartet, dass sich die Anzahl an Mutationen aufgrund des Fehlens von Meiosen erhöht. Im Rahmen abteilungsübergreifender Forschungsarbeiten verglichen wir den Anstieg von Mutationen in Form der Kopienzahlvariation. Dabei betrachteten wir transkribierte genomische Regionen von 10 sexuellen und 10 apomiktischen Pflanzen der Gattung *Boechnera*. Die Genotypen wurden mittels vergleichender Genomhybridisierung und eines hochdichten (> 700 K) speziell konzipierten Microarrays analysiert. In der genomweiten Betrachtung beobachteten wir insgesamt vier Abstammungslinien. Drei davon beinhalteten sowohl sexuelle als auch apomiktische Genotypen. Folglich hat jede Abstammungslinie einen unabhängigen Ursprung für Apomixis (d. h. phänotypischen Ausdruck) ausgehend von einem spezifischen sexuellen Hintergrund. Die verschiedenen Ursprünge von Apomixis stimmen mit der Verteilung vermutlicher Apomixisfaktoren überein – wobei zwei davon, APOLLO und UPGRADE2 (Corral et al. 2013, Plant Physiol. and Mau et al. 2013, Plant Physiol.), von der Ag Apomixis identifiziert wurden.

### Synthetische Zentromere bei Pflanzen

Künstliche Minichromosomen sind ein vielseitiges Werkzeug für Grundlagenwissenschaften, Züchtung und biotechnologische Anwendungen. In enger Zusammenarbeit zwischen der Ag Epigenetik, Chromosomenstruktur und -funktion und Karyotypevolution erforschten wir Möglichkeiten, künstliche Minichromosomen über eine de-novo-Generation von Zentromeren zu erstellen. Als Modell verwendeten wir eine transgene *Arabidopsis thaliana*-Linie, die LacO Sequenzen an definierten Chromosomenpositionen besitzt. Über das entsprechende Bindepotein LacI konnten wir cenH3, die zentrale epigenetische Komponente pflanzlicher Zentromere, in Form eines cenH3/LacI-Fusionsproteins an die LacO-Sequenzen anlagern. Diese Anlagerung von cenH3 führte zu einer Bindung weiterer zentraler Zentromerproteine (Kinetochorproteine). Der Funktions-

cence microscopy resolution by applying Structured Illumination Microscopy (SIM) is available in the department of Cyto-genetics and Genome Analysis. Thereby, components until now only detectable non-selectively by electron microscopy can be visualized at a resolution of ~100 nm. Applying SIM techniques multiple chromatin structures not detectable till now become differentially visible in fixed tissues (Fig. 19, p. 56) as well as *in vivo*. SIM was used to elucidate the centromere fine structure of rye (Banaei-Moghaddam et al. 2012, Plant Cell) and barley (Demidov et al., CGR in print) metaphase chromosomes. In addition, the distribution and organisation of chromatin types and specific proteins important for the architecture and function of *Arabidopsis* (Schubert et al. 2013, Chromosoma), *Luzula* (Heckmann et al. 2013, Plant J.), and *Aegilops* (Ruban et al., submitted) chromosomes and interphase nuclei could be clarified.

### Plants repeatedly lose sex during their evolution

Asexual reproduction is expected to lead to mutation accumulation due to the absence of meiosis and sex. In a project spanning multiple research groups of our department, we compared mutation accumulation in the form of copy number variation (CNV), in the transcribed genomic regions of 10 sexual and 10 apomictic *Boechnera* genotypes, using a double-validated analysis of comparative genomic hybridization on a high-density (> 700 K) custom microarray. Genome-wide patterns of CNV revealed four divergent lineages, three of which contain both sexual and apomictic genotypes. Hence each lineage reflects an independent origin (i.e., expression) of apomixis from a different sexual genetic background. Importantly, multiple origins of the apomixis phenotype is consistent with the spread of candidate apomixis factors, two of which (APOLLO and UPGRADE2; Corral et al. 2013, Plant Physiol. and Mau et al. 2013, Plant Physiol.) have been proposed by the Apomixis research group.

### Synthetic plant centromeres

Artificial minichromosomes are highly desirable tools for basic research, breeding and biotechnology purposes. In collaboration between the groups Epigenetics, Chromosome Structure and Function and Karyotype Evolution an option to generate plant artificial minichromosomes via *de novo* engineering of plant centromeres in *Arabidopsis thaliana* by targeting kinetochore proteins to tandem repeat arrays at non-centromeric positions was presented. We employed the bacterial lactose repressor/lactose operator system to guide derivatives of the centromeric histone H3 variant cenH3 to LacO operator sequences. Tethering of cenH3 to non-centromeric loci led to *de novo* assembly of kinetochore proteins and to dicentric carrier chromosomes which potentially form anaphase bridges. This approach has the potential to contribute to generating of minichromosomes from preselected genomic regions, even in a diploid background (Teo et al., Chromosoma 2013).

### Kmasker – a new bioinformatic tool to detect unique DNA sequences

Crops often possess a multitude of repetitive DNA sequences. For many applications, however, it is of utmost importance

beweis des künstlichen Zentromers erfolgte indirekt über die Beobachtung von Anaphasebrücken, welche für die vorliegenden dizentrischen Chromosomen typisch sind. Damit konnten wir den Grundstein legen, Minichromosomen gezielt in Pflanzen zu erzeugen (C.H. Teo, I. Lermontova, A. Houben, M.F. Mette, I. Schubert; Chromosoma 2013).

### ***Kmasker* – ein innovatives Werkzeug zur Isolation nicht-repetitiver DNA-Sequenzen**

Kulturarten haben häufig eine Vielzahl repetitiver DNA-Sequenzen. Für viele Anwendung ist es jedoch zielführend diese auszublenden und sich auf nicht-repetitive Bereiche zu konzentrieren. Wir entwickelten das bioinformatische Werkzeug *Kmasker*, das es erlaubt, nicht-repetitive DNA-Sequenzen in der Gerste zu lokalisieren. Wir haben hierzu 424 Million Illumina Sequence-reads in einen Index einfließen lassen, auf den *Kmasker* zurückgreift, um sogenannte *k-mer*-Frequenzen zu schätzen. Diese *k-mer* Frequenzen ermöglichen das Ausblenden repetitiver DNA-Bereiche. Somit stellt *Kmasker* ein wertvolles Werkzeug für die automatisierte *in silico*-Suche nach nicht-repetitiver DNA-Sequenzen dar, welche für den Design von Primer, Fluoreszenz-*in situ*-Hybridisierung (FISH) oder Transcription Activator-like Effector Nuclease-Ansätzen (TALEN) benötigt werden (Schmutzer et al. CGR, im Druck).

Ingo Schubert und Jochen C. Reif, Januar 2014

to mask them and to focus exclusively on unique sequences. We developed a tool called *Kmasker*, which allows detecting unique sequences in barley. We incorporated 424 million Illumina sequenced reads into an index structure that is used by *Kmasker* to estimate so called *k-mer* frequencies. These *k-mer* frequencies are used to identify single copy sequences. Accordingly *Kmasker* is a tool providing an automated work flow for *in silico* extraction of unique genomic sequences of large genomic fragments suitable for various application like primer design, fluorescence *in situ* hybridization (FISH) or transcription activator-like effector nucleases (TALEN) approaches (Schmutzer et al. CGR, in print).

Ingo Schubert and Jochen C. Reif, January 2014

## PROGRAMME: CYTOGENETICS

### Research Group: Karyotype Evolution (till 30.04.2013)

Head: Prof. Ingo Schubert (till 31.12.2012)

#### Scientists

##### IPK financed

Fuchs, Jörg, Dr. (till 31.12.2012)

Jovtchev, Gabriele, Dr. (01.02.-30.04.2012)

Schubert, Veit, Dr. (till 31.12.2012)

##### Grant Positions

Cao, Xuan Hieu, Dr. (DFG, 01.07.2012-31.12.2012)

Lermontova, Inna, Dr. (1,00/0,75 DFG, till 31.12.2012)

##### Visiting Scientists/Scholars

Meister, Armin, Dr. (IPK/self-financed, 13.03.-17.04.2012;  
01.12.2012-31.12.2012)

Ruiz, Maria Dolores (self-financed, 16.01.-15.03.2012)

Trung, Tran Duc (MOET-Scholarship Vietnam)

Vu, Thi Ha Giang, Dr. (self-financed, till 31.12.2012)

Wobus, Anna Magdalene, Prof. (self-financed)

**Since 01.01.2013:** I. Schubert works as a guest researcher together with the DFG-supported postdoctoral researchers H.X. Cao and G.T.H. Vu (since 01.01.2013) and the PhD student T.D. Tran as a project group within the Quantitative Genetics (QG). I. Lermontova became a project leader within the group QG. For the sake of simplicity we presented progress realized in 2012 and 2013 exclusively in the chapter of the group Karyotype Evolution. J. Fuchs and V. Schubert were integrated into the group Chromosome Structure and Function headed by Dr. Andreas Houben.

#### Goals

Elucidation of structure, plasticity, evolution and epigenetic modifications of plant genomes and functional chromosome domains.

#### Research Report

**Centromere research and chromosome engineering.** In collaboration with the groups Epigenetics and Chromosome Structure and Function, and supported by IPK, the **first de novo generation of a plant centromere** on transgenic tandem repeats was achieved in *A. thaliana* by means of a repeat-binding protein that guided and recruited kinetochore proteins (Fig. 20, p. 61). Such synthetic centromeres offer a prerequisite for future generation of artificial minichromosomes from predetermined chromosome regions (Teo et al., Chromosoma 2013). The ac-

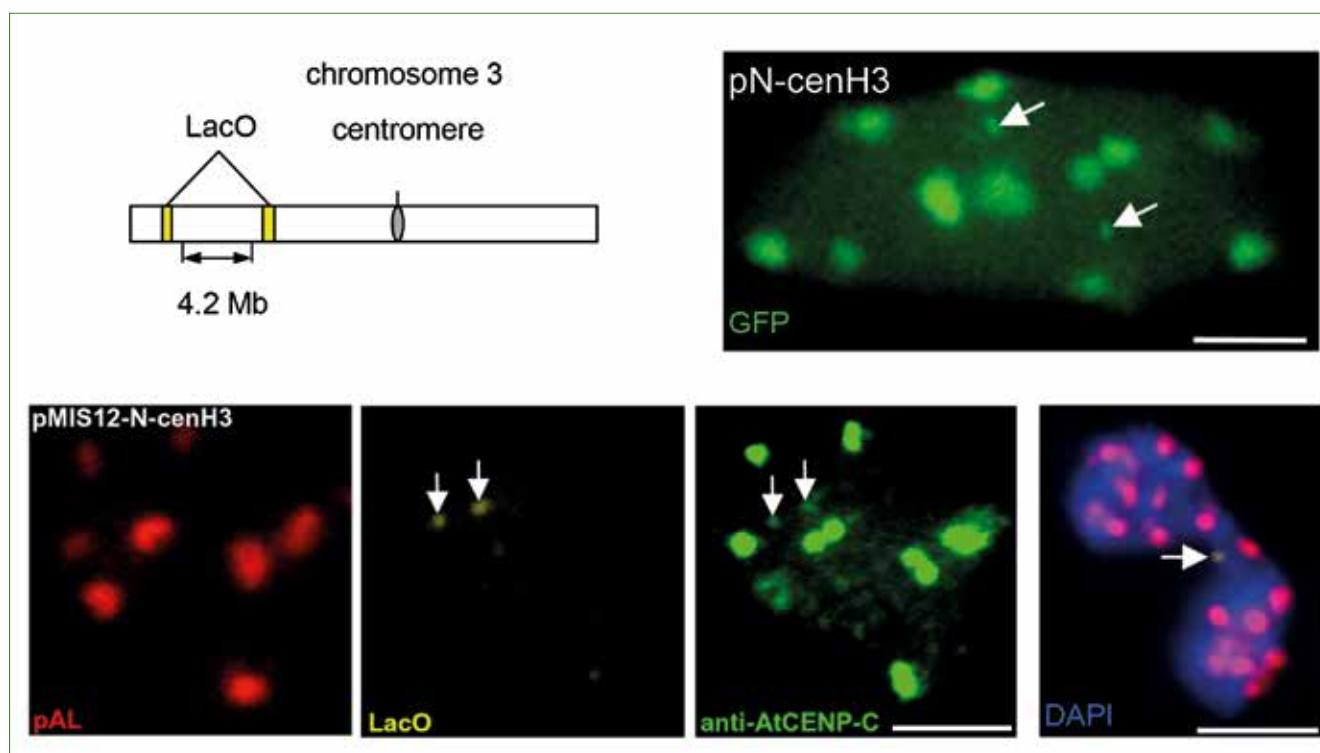
tual status of plant minichromosome engineering has been surveyed (Houben et al., Int. J. Dev. Biol. 2013). The loading of the centromeric histone variant cenH3 has been studied during male meiosis in rye and revealed differences to mitotic cenH3 deposition (quality check for completeness of cenH3 molecules and removal of imperfect molecules before prophase I, and a second (re)loading during interkinesis). A hypothesis on evolution of deviating cenH3 deposition modes between plants and animals has been proposed (V. Schubert, I. Lermontova, I. Schubert).

The first cenH3 assembling factor in a plant, KINETOCHORE NULL2, was identified in *Arabidopsis thaliana*. It co-localizes with cenH3 along the cell cycle, except from meta- to anaphase, is transcriptionally co-regulated with cenH3 by E2F and RBR transcription factors and is degraded *via* the proteasome pathway. Knock-out mutants displayed disturbed nuclear divisions, reduced histone methyltransferase expression, reduced DNA methylation, and a reduced cenH3 level at centromeres. Apparently, **KNL2 generates the epigenetic environment for cenH3 deposition** (Lermontova et al., Plant Cell 2013).

The actual status of research on centromeric histone H3 variant cenH3 has been surveyed (I. Lermontova and I. Schubert; chapter In: Plant Centromere Biology book, 2013).

**Biological consequences of DNA double-strand breaks (DSB).** Transgenic barley lines generated and characterised in the frame of the GABI PRECISE project, together with J. Kümlehn and G. Hensel, Plant Reproduction Biology, were used to prove DNA-double-strand break (DSB)-induced **gene targeting in barley** (collaboration with B. Reiss, MPIPZ, Köln). After failure to quantify DSB repair pathways (single strand annealing resulting in deletions *versus* synthesis-dependent strand annealing yielding gene conversions) by the glucuronidase staining assay (G. Hensel, I. Schubert), amplicon libraries from three reporter constructs were sequenced after *in vivo* DSB induction. Quantitative evaluation of repair pathways during different developmental stages is ongoing (G.T.H. Vu, H.X. Cao).

**Genome Size and Karyotype Evolution.** To elucidate the mechanisms which resulted in rapid shrinkage or expansion of the genomes of the carnivorous species *Genlisea nigrocaulis* (86 Mb) and *G. hispidula* (> 1500 Mb) based on de novo sequencing of genomes and of transcriptomes of both species, assembly and annotation of both genomes are nearly completed. Phylogenetic genome size comparison suggests a **rapid and divergent genome size evolution within the genus *Genlisea*, in spite of similar environmental conditions, and independent of annual or perennial lifestyle.** Comparative studies indicate a fast karyotype evolution accompanied



**Fig. 20**

Synthetic plant centromeres are generated at transgenic LacO repeats on chromosome 3 (scheme upper panel left) of *Arabidopsis thaliana*. Various recombinant constructs express N-terminal part of the basic kinetochore protein cenH3 with or without other kinetochore components together with the GFP/Lac repressor protein (LacI). LacI is tethering the recombinant proteins to the LacO repeats, e.g. the N-terminal part of cenH3 (upper panel right, arrows label two small GFP signals in addition to those at the 10 endogenous centromeres). The first three images of the lower panel show for the same nucleus from left to right: FISH signals for centromeric DNA repeats (red) FISH signals for ectopic LacO repeats (yellow, arrows), and immunosignals indicating the presence of the kinetochore protein CENP-C at lacO positions (green, arrows). The applied transgenic construct expressed MIS12/N-cenH3/GFP/LacI together, which were tethered to LacO repeats and recruited endogenous CENP-C. The centromeric activity at ectopic LacO loci is indicated by an increased frequency of mitotic bridges involving lacO repeats (arrow, lower panel right) compared to wildtype or plants harboring only LacO repeats without cenH3-expressing constructs (C.H. Teo, I. Lermontova, A. Houben, M.F. Mette, I. Schubert).

by emergence of hitherto unknown telomere sequence repeats in the expanded genome of *G. hispidula* (G. Vu, H.X. Cao, G. Jovtchev, T.D. Tran, V. Schubert, J. Fuchs; U. Scholz, T. Schmutzer, F. Bull, M. Mascher, Bioinformatics and Information Technology; F. Blattner, K. Pistrick, Experimental Taxonomy; in collaboration with A. Pecinka, MPIPZ, Köln and the groups of J. Macas, C. Budejovice and J. Fajkus, Brno).

As a prerequisite for studies of genome size and karyotype evolution in the aquatic monocot family of duckweeds with neoteneous development, highly variable chromosome numbers and genome sizes (DFG proposal submitted), the supercontigs of the first sequenced duckweed genome have been checked for accuracy (H.X. Cao, J. Fuchs, I. Schubert) and are now aligned to the 20 *Spirodela polyrhiza* chromosomes.

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

BANAIE-MOGHADDAM, A.M., V. SCHUBERT, K. KUMKE, O. WEISS, S. KLEMME, K. NAGAKI, J. MACAS, M. GONZÁLEZ-SÁNCHEZ, V. HEREDIA, D. GÓMEZ-REVILLA, M. GONZÁLEZ-GARCÍA, J.M. VEGA, M.J. PUERTAS & A. HOUBEN: Nondisjunction in favor of a chromosome: the mechanism of rye B chromosome drive during pollen mitosis. *Plant Cell* 24 (2012) 4124-4134.

FARRÉ, A., A. CUADRADO, I. LACASA-BENITO, L. CISTUÉ, I. SCHUBERT, J. COMADRAN, J. JANSEN & I. ROMAGOSA: Genetic characterization of a reciprocal translocation present in a widely grown barley variety. *Mol. Breed.* 30 (2012) 1109-1119.

GURUSHIDZE, M., J. FUCHS & F.R. BLATTNER: The evolution of genome size variation in drumstick onions (*Allium* subgenus *Melanocrommyum*). *Syst. Bot.* 37 (2012) 96-104.

KAPUSI, E., L. MA, C.H. TEO, G. HENSEL, A. HIMMELBACH, I. SCHUBERT, M.F. METTE, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Telomere-mediated truncation of barley chromosomes. *Chromosoma* 121 (2012) 181-190.

MARTIS, M.M., S. KLEMME, A.M. BANAIE MOGHADDAM, F.R. BLATTNER, J. MACAS, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, H. GUNDLACH, T. WICKER, H. ŠIMKOVÁ, P. NOVÁK, P. NEUMANN, M. KUBALÁKOVÁ, E. BAUER, G. HASENEYER, J. FUCHS, J. DOLEŽEL, N. STEIN, K.F.X. MAYER & A. HOUBEN: Selfish supernumerary chromosome reveals its origin as a mosaic of host genome and organellar sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 13343-13346.

RÓIS, A.S., G. TEIXEIRA, T.F. SHARBEL, J. FUCHS, S. MARTINS, D. ESPÍRITO-SANTO & A.D. CAPERTA: Male fertility vs sterility, cytotype and DNA quantitative variation in seed production in diploid and tetraploid sea lavenders (*Limonium* sp., Plumbaginaceae) reveal diversity in reproduction modes. *Sex. Plant Reprod.* 25 (2012) 305-318.

SCHRÖDER, I.S., S. SULZBACHER, T. NOLDEN, J. FUCHS, J. CZARNOTA, T. MEISTERFELD, H. HIMMELBAUER & A.M. WOBUS: Induction and selection of Sox17 expressing endoderm cells generated from murine embryonic stem cells. *Cells Tissues Organs* 195 (2012) 507-523.

SCHUBERT, V., A. BERR & A. MEISTER: Interphase chromatin organisation in *Arabidopsis* nuclei: constraints versus randomness. *Chromosoma* 121 (2012) 369-387.

### 2013

ALIYU, O.M., M. SEIFERT, J.M. CORRAL, J. FUCHS & T.F. SHARBEL: Copy number variation in transcriptionally active regions of sexual and apomictic *Boecheira* demonstrates independently-derived apomictic lineages. *Plant Cell* 25 (2013) 3808-3823.

GOHLKE, J., C.-J. SCHOLZ, S. KNEITZ, D. WEBER, J. FUCHS, R. HEDRICH & R. DEEKEN: DNA methylation mediated control of gene expression is critical for development of crown gall tumors. *PLoS Genet.* 9 (2013) e1003267.

HECKMANN, S., J. MACAS, K. KUMKE, J. FUCHS, V. SCHUBERT, L. MA, P. NOVÁK, P. NEUMANN, S. TAUDIEN, M. PLATZER & A. HOUBEN: The holocentric species *Luzula elegans* shows interplay between centromere and large-scale genome organization. *Plant J.* 73 (2013) 555-565.

HOUBEN, A., M.F. METTE, C.H. TEO, I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: Engineered plant minichromosomes. *Int. J. Dev. Biol.* 57 (2013) 651-657.

LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.

MASCHER, M., I. SCHUBERT, U. SCHOLZ & S. FRIEDEL: Patterns of nucleotide asymmetries in plant and animal genomes. *BioSystems* 111 (2013) 181-189.

MAU, M., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. MELZER, J. FUCHS, M. KUHLMANN, N. DE STORME, D. GEELEN & T.F. SHARBEL: The conserved chimeric transcript *UPGRADE-2* is associated with unreduced pollen formation and is exclusively found in apomictic *Boecheira*. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1640-1659.

PECINKA, A., A. ABDELSAMAD & G.T. VU: Hidden genetic nature of epigenetic natural variation in plants. *Trends Plant Sci.* 18 (2013) 625-632.

PFÜNDEL, E.E., C. KLUGHAMMER, A. MEISTER & Z.G. CEROVIC: Deriving fluorometer-specific values of relative PSI fluorescence intensity from quenching of  $F_0$  fluorescence in leaves of *Arabidopsis thaliana* and *Zea mays*. *Photosynth. Res.* 114 (2013) 189-206.

SCHUBERT, V., I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: The *Arabidopsis* CAP-D proteins are required for correct chromatin organization, growth and fertility. *Chromosoma* 122 (2013) 517-533.

SOUSA, A., J. FUCHS & S. RENNER: Molecular cytogenetics (FISH, GISH) of *Coccinia grandis*, a ca. 3 myr-old species of Cucurbitaceae with the largest Y/autosome divergence in flowering plants. *Cytogenet. Genome Res.* 139 (2013) 107-118.

TEO, C.H., I. LERMONTOVA, A. HOUBEN, M.F. METTE & I. SCHUBERT: De novo generation of plant centromeres at tandem repeats. *Chromosoma* 122 (2013) 233-241.

ZACHOVÁ, D., M. FOJTOVÁ, M. DVOŘÁČKOVÁ, I. MOZGOVÁ, I. LERMONTOVA, V. PEŠKA, I. SCHUBERT, J. FAJKUS & E. SYKOROVÁ: Structure-function relationships during transgenic telomerase expression in *Arabidopsis*. *Physiol. Plant.* 149 (2013) 114-126.

## Books and Book Chapters

### 2012

FUCHS, J. & I. SCHUBERT: Chromosomal distribution and functional interpretation of epigenetic histone marks in plants. In: BASS, H. & J.A. BIRCHLER (Eds.): *Plant Cytogenetics: Genome Structure and Chromosome Function*. *Plant Genetics and Genomics: Crops and Models*, Vol. 4, Springer, New York (2012) 231-256.

### 2013

LERMONTOVA, I. & I. SCHUBERT: CENH3 for establishing and maintenance of centromeres. In: JIANG, J. & J.A. BIRCHLER (Eds.): *Plant Centromere Biology*, Vol. 1, Wiley-Blackwell, Oxford (2013) 67-82.

LYSAK, M.A. & I. SCHUBERT: Mechanisms of chromosome rearrangements. In: GREILHUBER, J., J. DOLEZEL & J.F. WENDEL (Eds.): *Plant Genome Diversity*, Vol. 2, Physical Structure and Evolution of Plant Genomes. Springer, Wien (2013) 137-147.

## Other Papers

### 2012

SCHUBERT, I.: Rigomar Rieger und Arnd Michaelis. – Gemini der Pflanzencytogenetik. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 83 (2012) 115-123.

## PhD and Diploma Theses

### 2013

SANDMANN, M.: *In vitro* expression, purification and biochemical characterization of KNL2 protein of *Arabidopsis thaliana*. (Diploma Thesis) Friedrich-Schiller-Universität, Jena (2013) 87 pp.



# PROGRAMME: STATISTICAL AND COMPUTATIONAL GENOMICS

(since 01.05.2013)

## Research Group: Quantitative Genetics (since 01.05.2013)

Head: Prof. Jochen C. Reif (since 01.01.2013)

### Scientists

#### *IPK financed*

Chu, Jianting, Dr. (since 15.06.2013)  
 He, Sang (0,50, since 01.11.2013)  
 Jiang, Yong, Dr. (since 01.04.2013)  
 Lermontova, Inna, Dr. (01.04.-31.12.2013)  
 Sandmann, Michael (0,50, since 15.07.2013)  
 Zhao, Yusheng, Dr. (since 15.01.2013)

#### *Grant Positions*

Cao, Xuan Hieu, Dr. (DFG, 01.01.-31.12.2013)  
 He, Sang (0,15 Industry, since 01.12.2013)  
 Lermontova, Inna, Dr. (1,00/0,75 DFG, 01.01.-31.03.2013)  
 Vu, Thi Ha Giang, Dr. (DFG, since 01.01.2013)

#### *Visiting Scientists*

Finke, Andreas (self-financed, 01.01.-30.06.2013)  
 Liu, Guozheng (University Hohenheim, since 01.11.2013)  
 Meister, Armin, Dr. (IPK/self-financed, since 01.01.2013)  
 Mette, Michael F., Dr. (self-financed, 01.01.-31.01.2013;  
 University Hohenheim, since 01.02.2013)  
 Mühleisen, Jonathan (BMBF-BLE, 01.03.-31.12.2013)  
 Rovira, Rocio Rubio (self-financed, 18.07.-31.12.2013)  
 Schubert, Ingo, Prof. (self-financed, since 01.01.2013)  
 Trung, Tran Duc (MOET-Scholarship Vietnam)  
 Wang Yu (BMBF, since 31.03.2013)  
 Wobus, Anna Magdalene, Prof. (self-financed)  
 Yuan, Yuan (University Hohenheim, since 01.11.2013)

### Goals

The *Quantitative Genetics* research group engages in dissecting the genetic architecture of agronomic traits, and in the prediction of individual plant performance using 'omics' data. To this end, we develop innovative approaches in the area of statistical 'omics'.

### Research Report

The group Quantitative Genetics was established in January 2013, and since then has integrated members of the former Karyotype Evolution group. In the following, we present a research report excluding the research of the Karyotype Evolution group, which is outlined in a separate chapter.

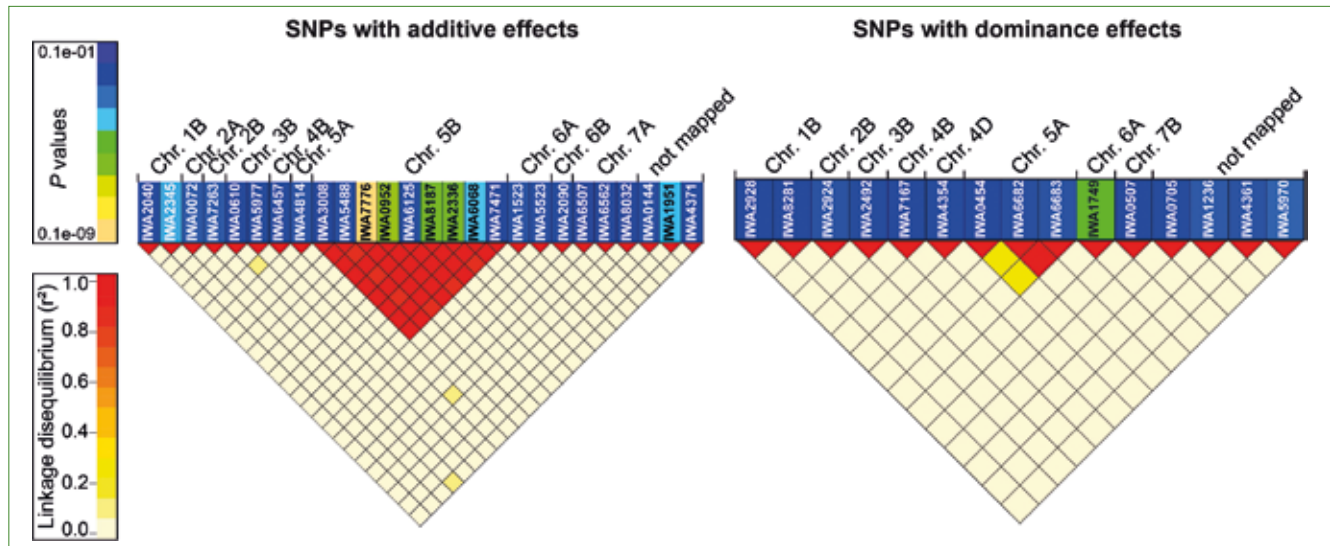
Our research is based on crop plant populations with varying genetic structure. We use progenies from segregating families

of controlled crosses, diverse genotype collections from the IPK genebank, and samples of elite lines or hybrids provided by our partners from the plant breeding industry. Our model crop is wheat, but research activities also encompass studies in barley, maize, soybean, rye, triticale, canola, and sugar beet. These populations are characterised with 'omics' tools and evaluated for important agronomic traits in intensive field trials. The phenotypic and 'omic' data is analysed using state-of-the-art methods. For this, we develop and implement **association** as well as **linkage mapping approaches** in order to identify genomic regions and associated epistatic interactions that are correlated with trait performance. Predicting complex trait performance is further tackled by developing **genomic selection** methods. Progress made in 2013 included:

*Phenomics:* There is a rising demand to breed crop varieties with pronounced **yield stability** that are able to cope with rising average temperatures, changing patterns of rainfall and increasing incidences of extreme weather throughout the growing season. By contrasting grain yield potential and yield stability of different varieties using experimental data in wheat, barley, and triticale, we have found clear evidence that hybrid varieties possess significant, substantial and commercially viable heterosis, in addition to generally higher yield stability compared to line varieties. A comprehensive cross-validation study in barley revealed the need to phenotype populations in a large number of environments to precisely extrapolate the yield stability of individual genotypes (J. Mühleisen, J.C. Reif).

*Genomics:* Modern genomics approaches rely on the availability of high-throughput and high-density genotyping platforms. A major breakthrough in wheat genotyping was the development of SNP arrays, and we have evaluated the utility of both 9k and 90k SNP arrays for genomic analyses in a diverse panel of elite European winter wheat lines representing potential parents in hybrid wheat programs. In this elite germplasm, we have shown that **linkage disequilibrium decayed** within approximately 5 cM, with strong variation across chromosomes. Importantly, our results demonstrate that high numbers of SNPs must be assessed for the optimization of genome-wide mapping approaches (Y. Zhao, J.C. Reif).

*Association mapping:* Association mapping has been successfully applied to screen for significant additive effects. In this light, we have developed a new **association mapping** method for hybrid populations, considering **additive** as well as **dominance effects**. The power and limitations of this approach have been investigated using experimental data from hybrid wheat for a broad range of important traits, including frost stress tolerance (Fig. 21, p. 64). Cross-validation studies using test sets with



**Fig. 21** Heatplots of  $P$  values for SNP markers contributing significantly to additive and dominance effect genetic variation and of linkage disequilibrium measured as squared Pearson's correlation coefficients ( $r^2$ ) among SNPs. The analysis is based on 1.604 wheat hybrids and the related 135 parental lines (J.C. Reif, Y. Zhao).

varying degrees of relationship to corresponding estimation sets revealed that close relatedness leads to a substantial increase in the proportion of total genotypic variance explained by an identified QTL, and consequently to a significant bias in the prospected precision of marker-assisted selection (M.F. Mette, Y. Zhao, J. Chu, J.C. Reif).

**Genomic selection:** We have developed ridge regression, **BayesA**, **BayesB**, **BayesC**, and **BayesC $\pi$**  approaches to predict hybrid as well as line *per se* performance based on 'omic' data. The accuracy of the developed prediction approaches for the hybrid population was tested in a vast mapping population of wheat. In total 1604 hybrids and their 135 parental lines were evaluated for grain yield, plant height, flowering time, susceptibility against stripe and leaf rust, powdery mildew, *Fusarium* head blight, *Septoria tritici* blotch, and frost, in addition to quality traits including sedimentation value according to Zeleny, protein content, 1000-kernel weight and test weight. The resultant highly accurate cross-validated data clearly underline the potential of 'omics'-based prediction in plant performance for complex traits (Y. Zhao, J. Yong, Y. Wang, M.F. Mette, J.C. Reif).

## Publications

(All publications with a „\*“ are based on work that has been carried out when Prof. J. C. Reif and Y. Zhao were at the State Plant Breeding Institute, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany).

## Peer Reviewed Papers

### 2013

AMITEYE, S., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. KUHLMANN, M.F. METTE & T.F. SHARBEL: Novel microRNAs and microsatellite-like small RNAs in sexual and apomictic *Boechera* species. *MicroRNA* 2 (2013) 46-63.

BUSEMEYER, L., D. MENTRUP, K. MÖLLER, E. WUNDER, K. ALHEIT, V. HAHN, H.P. MAURER, J.C. REIF, T. WÜRSCHUM, J. MÜLLER, F. RAHE & A. RUCKELSHAUSEN: BreedVision – a multi-sensor platform for non-destructive field-based phenotyping in plant breeding. *Sensors* 13 (2013) 2830-2847.

BUSEMEYER, L., A. RUCKELSHAUSEN, K. MÖLLER, A.E. MELCHINGER, K. ALHEIT, H.P. MAURER, V. HAHN, E.A. WEISSMANN, J.C. REIF & T. WÜRSCHUM: Precision phenotyping of biomass accumulation in triticale reveals temporal genetic patterns of regulation. *Scientific Reports* 3 (2013) 2442.

\*GOWDA, M., Y. ZHAO, H.P. MAURER, E.A. WEISSMANN, T. WÜRSCHUM & J.C. REIF: Best linear unbiased prediction of triticale hybrid performance. *Euphytica* 191 (2013) 223-230.

HOUBEN, A., M.F. METTE, C.H. TEO, I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: Engineered plant minichromosomes. *Int. J. Dev. Biol.* 57 (2013) 651-657.

\*HÜBNER, M., P. WILDE, B. SCHMIEDCHEN, P. DOPIERALA, M. GOWDA, J.C. REIF & T. MIEDANER: Hybrid rye performance under natural drought stress in Europe. *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 475-482.

LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.

LI, Y.-H., D. LI, J.-X. MA, S.-C. ZHAO, L. YAN, J. LI, X.-T. QI, X.-S. GUO, L. ZHANG, W.-M. HE, R.-Z. CHANG, Q.-S. LIANG, Y. GUO, C. YE, X.-B. WANG, Y. TAO, R.-X. GUAN, J.-Y. WANG, Y.-L. LIU, L.-G. JIN, X.-Q. ZHANG, Z.-X. LIU, L.-J. ZHANG, Y.-R. LI, K.-J. WANG, R. NIELSEN, R.-Q. LI, P.-Y. CHEN, H.-M. YANG, W.-B. LI, J.C. REIF, J. WANG, M.-C. ZHANG, J. WANG & L.-J. QIU: Molecular footprints of domestication and improvement in soybean revealed by whole genome re-sequencing. *BMC Genomics* 14 (2013) e579.

\*LIU, W., H.P. MAURER, J.C. REIF, A.E. MELCHINGER, H.F. UTZ, M.R. TUCKER, N. RANC, G. DELLA PORTA & T. WÜRSCHUM: Optimum design of family structure and allocation of resources in association mapping with lines from multiple crosses. *Heredity* 110 (2013) 71-79.

- LIU, Y.-L., Y.-H. LI, J.C. REIF, M.F. METTE, Z.-X. LIU, B. LIU, S.-S. ZHANG, L. YAN, R.-Z. CHANG & L.-J. QIU: Identifying QTLs underlying plant height and seed weight in soybean. *Plant Genome* 6 (2013) 1-11.
- LONGIN, C.F., M. GOWDA, J. MÜHLEISEN, E. EBMEYER, E. KAZMAN, R. SCHACHSCHNEIDER, J. SCHACHT, M. KIRCHHOFF, Y. ZHAO & J.C. REIF: Hybrid wheat: quantitative genetic parameters and consequences for the design of breeding programs. *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 2791-2801.
- LONGIN, C.F.H., A.-N. SIEBER & J.C. REIF: Combining frost tolerance, high grain yield and good pasta quality in durum wheat. *Plant Breed.* 132 (2013) 353-358.
- MIEDANER, T., Y. ZHAO, M. GOWDA, C.F. LONGIN, V. KORZUN, E. EBMEYER, E. KAZMAN & J.C. REIF: Genetic architecture of resistance to *Septoria tritici* blotch in European wheat. *BMC Genomics* 14 (2013) e858.
- MÜHLEISEN, J., H.P. MAURER, G. STIEWE, P. BURY & J.C. REIF: Hybrid breeding in barley. *Crop Sci.* 53 (2013) 819-824.
- MÜHLEISEN, J., J.C. REIF, H.P. MAURER & H.P. PIEPHO: Visual scorings of drought stress intensity as covariates for improved variety trial analysis. *J. Agron. Crop Sci.* 199 (2013) 321-330.
- PECINKA, A., A. ABDELSAMAD & G.T. VU: Hidden genetic nature of epigenetic natural variation in plants. *Trends Plant Sci.* 18 (2013) 625-632.
- \*REIF, J.C., Y. ZHAO, T. WÜRSCHUM, M. GOWDA & V. HAHN: Genomic prediction of sunflower hybrid performance. *Plant Breed.* 132 (2013) 107-114.
- SCHUBERT, V., I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: The *Arabidopsis* CAP-D proteins are required for correct chromatin organization, growth and fertility. *Chromosoma* 122 (2013) 517-533.
- \*SCHWEGLER, D.D., W.X. LIU, M. GOWDA, T. WÜRSCHUM, B. SCHULZ & J.C. REIF: Multiple-line cross quantitative trait locus mapping in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Mol. Breed.* 31 (2013) 279-287.
- STRIGENS, A., W. SCHIPPRACK, J.C. REIF & A.E. MELCHINGER: Unlocking the genetic diversity of maize landraces with doubled haploids opens new avenues for breeding. *PLoS One* 8 (2013) e57234.
- TEO, C.H., I. LERMONTOVA, A. HOUBEN, M.F. METTE & I. SCHUBERT: De novo generation of plant centromeres at tandem repeats. *Chromosoma* 122 (2013) 233-241.
- WHITFORD, R., D. FLEURY, J.C. REIF, M. GARCIA, T. OKADA, V. KORZUN & P. LANGRIDGE: Hybrid breeding in wheat: current status and future perspectives. *J. Exp. Bot.* 64 (2013) 5411-5428.
- WÜRSCHUM, T., S.M. LANGER, C.F. LONGIN, V. KORZUN, E. AKHUNOV, E. EBMEYER, R. SCHACHSCHNEIDER, J. SCHACHT, E. KAZMAN & J.C. REIF: Population structure, genetic diversity and linkage disequilibrium in elite winter wheat assessed with SNP and SSR markers. *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 1477-1486.
- \*WÜRSCHUM, T., H.P. MAURER, F. DREYER & J.C. REIF: Effect of inter- and intragenic epistasis on the heritability of oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 435-441.
- WÜRSCHUM, T., J.C. REIF, T. KRAFT, G. JANSSEN & Y. ZHAO: Genomic selection in sugar beet breeding populations. *BMC Genet.* 14 (2013) 85.
- ZACHOVÁ, D., M. FOJTOVÁ, M. DVOŘÁČKOVÁ, I. MOZGOVÁ, I. LERMONTOVA, V. PEŠKA, I. SCHUBERT, J. FAJKUS & E. SÝKOROVÁ: Structure-function relationships during transgenic telomerase expression in *Arabidopsis*. *Physiol. Plant.* 149 (2013) 114-126.
- ZHAO, Y., M. GOWDA, T. WÜRSCHUM, C.F.H. LONGIN, V. KORZUN, S. KOLLERS, R. SCHACHSCHNEIDER, J. ZENG, R. FERNANDO, J. DUBCOVSKY & J.C. REIF: Dissecting the genetic architecture of frost tolerance in Central European winter wheat. *J. Exp. Bot.* 64 (2013) 4453-4460.
- ZHAO, Y., J. ZENG, R. FERNANDO & J.C. REIF: Genomic prediction of hybrid wheat performance. *Crop Sci.* 53 (2013) 802-810.
- \*ZHAO, Y., M. GOWDA, W.X. LIU, T. WÜRSCHUM, H.P. MAURER, F.H. LONGIN, N. RANC, H.P. PIEPHO & J.C. REIF: Choice of shrinkage parameter and prediction of genomic breeding values in elite maize breeding populations. *Plant Breed.* 132 (2013) 99-106.

## Books and Book Chapters

### 2013

- LERMONTOVA, I. & I. SCHUBERT: CENH3 for establishing and maintenance of centromeres. In: JIANG, J. & J.A. BIRCHLER (Eds.): *Plant Centromere Biology*, Vol. 1. Wiley-Blackwell, Oxford (2013) 67-82.
- LYSAK, M.A. & I. SCHUBERT: Mechanisms of chromosome rearrangements. In: GREILHUBER, J., J. DOLEZEL & J.F. WENDEL (Eds.): *Plant Genome Diversity*, Vol. 2, Physical Structure and Evolution of Plant Genomes. Springer, Wien (2013) 137-147.

## PhD and Diploma Theses

### 2013

- MARTIN, C.: Infrastruktur des öffentlichen Versuchswesens für pflanzenzüchterische Fragestellungen - Status quo und Perspektiven. (Master Thesis) Hochschule Anhalt, Fachbereich Landwirtschaft, Ökotropologie und Landschaftsentwicklung, Bernburg (2013) 45 pp.
- SANDMANN, M.: *In vitro* expression, purification and biochemical characterization of KNL2 protein of *Arabidopsis thaliana*. (Diploma Thesis) Friedrich-Schiller-Universität, Jena (2013) 87 pp.
- \*STEINHOFF, J.: Quantitative trait loci (QTL) mapping in multi-line crosses of European maize. (PhD Thesis, kumulativ) Landessaatzuchtanstalt der Universität Hohenheim, Stuttgart (2013) 33 pp.

## Research Group: Bioinformatics and Information Technology

Head: Dr. Uwe Scholz

### Scientists

#### *IPK financed*

Arend, Daniel (SAW-Pakt, 01.04.-31.08.2012)

Lange, Matthias, Dr.

Schmutzer, Thomas (SAW-Pakt, 01.04.-31.05.2012)

Steuernagel, Burkhard (SAW-Pakt, till 31.03.2012)

#### *Grant Positions*

Arend, Daniel (BMBF, 01.09.-30.09.2012; BMBF/DPPN, since 01.10.2012)

Beier, Sebastian (BMBF, since 01.04.2012)

Grafahrend-Belau, Eva (0,25 EU, since 01.09.2013)

Mascher, Martin (BMBF)

Schmutzer, Thomas (BMBF, till 31.03.2012; since 01.12.2012)

Weise, Stephan, Dr. (BMBF)

#### *Visiting Scientists/Scholars*

Czernicka, Malgorzata, Dr. (self-financed, since 31.12.2013)

Schmutzer, Thomas (Scholarship of French Embassy, 01.06.-30.11.2012)

Steuernagel, Burkhard (self-financed, since 01.04.2012)

### Goals

Development of information systems, data integration pipelines, life science search engines, and usage/adaptation of bioinformatics tools for NGS analysis. Moreover, the research group is responsible for the IT infrastructure of the whole institute as well as for the establishment and the operation of the laboratory information management system (LIMS) at the IPK.

### Research Report

The group contributed to different international and national research projects. Examples are the EU FP 7 program, the German Plant Phenotyping Network (DPPN) or the Plant2030 initiative.

The BMBF funded BioEnergy2021 project **OPTIMAS** (started in 2009) explores diverse biological processes with the aim of increasing yield and biomass production in maize. In 2012 the development of the OPTIMAS data warehouse (**OPTIMAS-DW**) was finished. OPTIMAS-DW is a comprehensive data warehouse for maize containing multiple omics data. The system allows the storage and retrieval of experimental data as well as correlation analysis results. With OPTIMAS-DW, we have established a public resource for maize related research supporting systems biological research in particular (C. Colmsee, M. Mascher in collaboration with the research group Plant Bioinformatics).

In frame of the EU project **transPLANT** we contributed to an integrated search for traits over European plant genomic databases. The transPLANT consortium aims to provide an information infrastructure for plant genomics resources. The underlying databases are located at the partner sites, but should be discoverable by an integrated, relevance driven search of genome annotation, i.e. traits or gene functions. Here we used our **LAILAPS** system (see <http://lailaps.ipk-gatersleben.de/>). LAILAPS was extended with enhanced concepts for an information retrieval over reverse linked genome annotations. For an easy integration of LAILAPS in different web sites or portals we implemented a JavaScript portlet which can be used in any HTML-site. To give a proof of concept, it was integrated in the IPK database **OPTIMAS-DW** ([http://www.optimas-bioenergy.org/optimas\\_dw](http://www.optimas-bioenergy.org/optimas_dw)). To prepare the integration in the transPLANT portal hosted at the EBI, we started with the implementation as Drupal-Module (J. Chen, C. Colmsee, M. Lange).

Within the **DPPN** project we are responsible for the citation and the exchange of phenotypic data. In cooperation with DPPN partners the data management systems are developed. First step was the extension IPK storage hardware up to 80 terabytes. In order to allow later use and publication of the stored images and analysis results, an efficient data management process was established (see Fig. 22, p. 67). Here, we used the **IPK-LIMS**. For the data publication, the **e!DAL** API (<http://edal.ipk-gatersleben.de>) is adapted. e!DAL provides an advanced file system and related infrastructure for the storage and publication of primary phenotypic data. We completely fulfil the recommendations of DataCite (<http://www.datacite.org>) and the German Research Foundation (DFG). The e!DAL-API is modular and can easy integrated into any JAVA software. Alternatively, it offers the possibility of a client-server architecture to act as a central repository. Furthermore, we taking part on the development of a file format for exchange of phenotypic information between databases, web services and data analysis tools. This format based on the ISA-TAB structure (D. Arend, M. Lange in cooperation with all IPK DPPN partners).

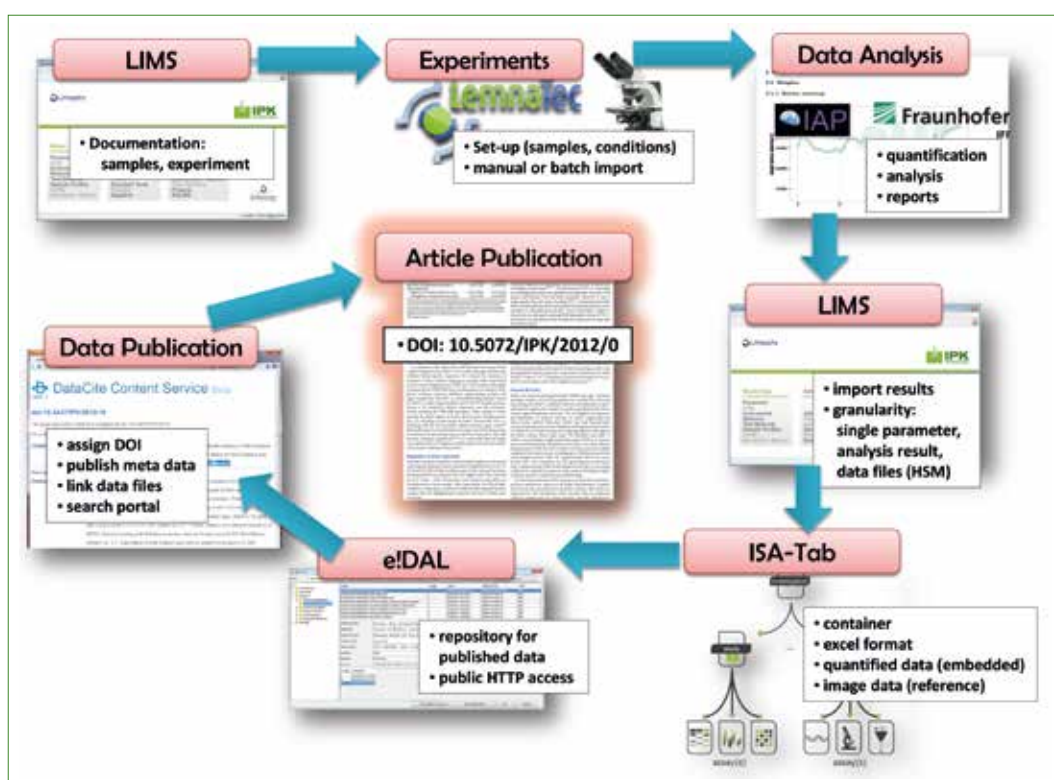
In the **TRITEX** project we provided the data storage and assembly of 454 and Illumina sequenced barcoded BAC (Bacterial Artificial Chromosome) pools. We also produced whole-genome shotgun long jumping distance libraries of various sizes (3 kb, 5 kb, 8 kb, 20 kb and 40 kb) for the barley cultivar Morex which were used by collaborators to enhance the whole-genome shotgun assembly of barley. Pipelines for assembling and scaffolding large pools of BACs (up to 672 samples per HiSeq 2000 lane) were implemented. In total more than 15,000 BAC assemblies were calculated with the Illumina pipeline while more than 5,000 BAC assemblies were calculated with the 454 pipe-

line. With this effort the minimal tiling paths of chromosomes 1H and 3H of barley have been fully sequenced and assembled while chromosome 4H will arrive at this status by the end of January 2014. Using newly developed protocols for mate-pair sequencing on the Illumina platform we sequenced pooled BACs to further use this resource for scaffolding and increasing connectivity in the BAC assemblies. To support the sequencing project, we started the development of the web based BAC Network database. The system provides a data access as well as visual representations of overlaps between BACs. We have developed the **POPSEQ** approach for sequence-based ultra-dense genotyping of genetic mapping populations and used the method to substantially improve the genetic anchoring of both the whole-genome shotgun assembly and the physical map of barley (S. Beier, M. Mascher, C. Colmsee in collaboration with the research group Genome Diversity).

Within the **NuGGET** project, we have established computational pipelines for the high-throughput analysis of re-sequencing experiments in maize and barley. The streamlined integration of tools for short read mapping and variant calling together with custom visualization and data mining functions in the R statistical environment provides a flexible toolkit that is adaptable to diverse datasets. We applied our methods to examine mapping-by-sequencing and genotyping experiments employing whole-genome shotgun, genotyping-by-sequencing and exome sequencing strategies and were able to fine-map or identify target genes underlying mutant phenotypes affecting flowering time in maize and inflorescence architecture in barley (M. Mascher and C. Colmsee in collaboration with the research groups Heterosis and Genome Diversity).

The **RYE-SELECT** project is aimed to support genome-based breeding for rye with a genome size of 7.9 Gb. Therefore 1.25 terabyte of raw sequences of 11 genotypes and one deep sequencing of a reference line (Lo7) were produced. This data has been integrated into a draft reference (4.5 Gb) comprised by 629,592 scaffolds. Reads of the 11 genotypes were mapped against the established reference covering on average 90 % of the Lo7 reference (min. 84 % in *Secale vavilovii* and max. 92.3 % in Lo90). Variations analysis within these mappings revealed 6.5 million unique SNP positions that will support future rye breeding approaches (T. Schmutzer).

The **PreBreedYield** project aims at developing a diverse set of plant materials as well as "omics" technologies and precise phenotyping strategies in order to enhance rapeseed pre-breeding. Our research group is responsible for the analysis of re-sequencing data of 52 *Brassica* genotypes, the mapping to the *B. napus* reference genome and the development of a specific data warehouse solution, thus enabling to manage and analyse the project data. In collaboration with the Justus Liebig University Gießen a pipeline has been developed to process the sequencing data (> 3.5 terabyte) and to finally retrieve relevant SNP information among the *Brassica* genus (3.2 million SNP position). These 52 mappings (266 Gb BAM files and 73 % mapped reads) are the pre-requisite for a detailed variation calling to study the evolutionary history and develop marker to support performance in breeding. For the data management, all necessary developments (database structures, data exchange templates, data integration pipeline) were performed; the available data was imported and was made available via a web application based on user requirements. Thereby, attention was paid



**Fig. 22**  
General workflow for publication of phenotypic data within the DPPN project (D. Arend, U. Scholz, M. Lange).

to obtain synergy effects with the **BARSELECT** project, which aims at increasing the yield in barley and to improve the adaptation in climate change. For the BARSELECT project, the research group is also responsible for the data management part, thus using the same developments (T. Schmutzer, S. Weise in cooperation with the research groups Genome Diversity and Molecular Plant Nutrition).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- COCKRAM, J., T. THIEL, B. STEUERNAGEL, N. STEIN, S. TAUDIEN, P.C. BAILEY & D.M. O'SULLIVAN: Genome dynamics explain the evolution of flowering time CCT domain gene families in the Poaceae. *PLoS One* 7 (2012) e45307.
- COLMSEE, C., E.R.J. KELLER, C. ZANKE, A. SENULA, T. FUNKE, M. OPPERMANN, S. WEISE & U. SCHOLZ: The Garlic and Shallot Core Collection image database of IPK presenting two vegetatively maintained crops in the Federal *ex situ* genebank for agricultural and horticultural crops at Gatersleben, Germany. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59 (2012) 1407-1415.
- COLMSEE, C., M. MASCHER, T. CZAUDERNA, A. HARTMANN, U. SCHLÜTER, N. ZELLERHOFF, J. SCHMITZ, A. BRÄUTIGAM, T.R. PICK, P. ALTER, M. GAHRTZ, S. WITT, A.R. FERNIE, F. BÖRNKE, H. FAHNENSTICH, M. BUCHER, T. DRESSELHAUS, A.P. WEBER, F. SCHREIBER, U. SCHOLZ & U. SONNEWALD: OPTIMAS-DW: A comprehensive transcriptomics, metabolomics, ionomics, proteomics and phenomics data resource for maize. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 245.
- KOHL, S., J. HOLLMANN, F.R. BLATTNER, V. RADCHUK, F. ANDERSCH, B. STEUERNAGEL, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, K. KRUPINSKA, H. WEBER & W. WESCHKE: A putative role for amino acid permeases in sink-source communication of barley tissues uncovered by RNA-seq. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 154.
- MAMEAUX, S., J. COCKRAM, T. THIEL, B. STEUERNAGEL, N. STEIN, S. TAUDIEN, P. JACK, P. WERNER, J.C. GRAY, A.J. GREENLAND & W. POWELL: Molecular, phylogenetic and comparative genomic analysis of the *cytokinin oxidase/dehydrogenase* gene family in the Poaceae. *Plant Biotechnol. J.* 10 (2012) 67-82.
- MARTIS, M.M., S. KLEMME, A.M. BANAEI MOGHADDAM, F.R. BLATTNER, J. MACAS, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, H. GUNDLACH, T. WICKER, H. ŠIMKOVÁ, P. NOVÁK, P. NEUMANN, M. KUBALÁKOVÁ, E. BAUER, G. HASENEYER, J. FUCHS, J. DOLEŽEL, N. STEIN, K.F.X. MAYER & A. HOUBEN: Selfish supernumerary chromosome reveals its origin as a mosaic of host genome and organellar sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 13343-13346.
- MATTHIES, I.E., S. SHARMA, S. WEISE & M.S. RÖDER: Sequence variation in the barley genes encoding sucrose synthase I and sucrose phosphate synthase II, and its association with variation in grain traits and malting quality. *Euphytica* 184 (2012) 73-83.
- MATTHIES, I.E., T. VAN HINTUM, S. WEISE & M.S. RÖDER: Population structure revealed by different marker types (SSR or DArT) has an impact on the results of genome-wide association mapping in European barley cultivars. *Mol. Breed.* 30 (2012) 951-966.
- MAYER, K.F.X., R. WAUGH, P. LANGRIDGE, T.J. CLOSE, R.P. WISE, A. GRANER, T. MATSUMOTO, K. SATO, A. SCHULMAN, R. ARIYADASA, D. SCHULTE, N. POURSAEBANI, R. ZHOU, B. STEUERNAGEL, M. MASCHER, U. SCHOLZ, B. SHI, K. MADISHETTY, J.T. SVENSSON, P. BHAT, M. MOSCOU, J. RESNIK, G.J. MUEHLBAUER, P. HEDLEY, H. LIU, J. MORRIS, Z. FRENKEL, A. KOROL, H. BERGÈS, S. TAUDIEN, M. FELDER, M. GROTH, M. PLATZER, A. HIMMELBACH, S. LONARDI, D. DUMA, M. ALPERT, F. CORDERO, M. BECCUTI, G. CIARDO, Y. MA, S. WANAMAKER, F. CATTONARO, V. VENDRAMIN, S. SCALABRIN, S. RADOVIC, R. WING, M. MORGANTE, T. NUSSBAUMER, H. GUNDLACH, M. MARTIS, J. POLAND, M. PFEIFER, C. MOISY, J. TANSKANEN, A. ZUCCOLO, M. SPANNAGL, J. RUSSELL, A. DRUKA, D. MARSHALL, M. BAYER, D. SWARBRECK, D. SAMPATH, S. AYLING, M. FEBRER, M. CACCAMO, T. TANAKA, S. WANNAMAKER, T. SCHMUTZER, J.W.S. BROWN, G.B. FINCHER & N. STEIN: A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. *Nature* 491 (2012) 711-716.
- MEHLHORN, H., M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: IDPredictor: predict database links in biomedical database. *J. Integr. Bioinform.* 9 (2012) e190.
- SCHLÜTER, U., M. MASCHER, C. COLMSEE, U. SCHOLZ, A. BRÄUTIGAM, H. FAHNENSTICH & U. SONNEWALD: Maize source leaf adaptation to nitrogen deficiency affects not only nitrogen and carbon metabolism but also control of phosphate homeostasis. *Plant Physiol.* 160 (2012) 1384-1406.
- SCHREIBER, F., C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, M. KLAPPERSTÜCK, U. SCHOLZ & S. WEISE: MetaCrop 2.0: managing and exploring information about crop plant metabolism. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) D1173-D1177.
- SILVAR, C., D. PEROVIC, U. SCHOLZ, A.M. CASAS, E. IGARTUA & F. ORDON: Fine mapping and comparative genomics integration of two quantitative trait loci controlling resistance to powdery mildew in a Spanish barley landrace. *Theor. Appl. Genet.* 124 (2012) 49-62.
- THIEL, J., J. HOLLMANN, T. RUTTEN, H. WEBER, U. SCHOLZ & W. WESCHKE: 454 transcriptome sequencing suggests a role for two-component signalling in cellularization and differentiation of barley endosperm transfer cells. *PLoS One* 7 (2012) e41867.
- ZAKHRABEKOVA, S., S.P. GOUGH, I. BRAUMANN, A.H. MÜLLER, J. LUNDQVIST, K. AHMANN, C. DOCKTER, I. MATYSZCZAK, M. KUROWSKA, A. DRUKA, R. WAUGH, A. GRANER, N. STEIN, B. STEUERNAGEL, U. LUNDQVIST & M. HANSSON: Induced mutations in circadian clock regulator *Mat-a* facilitated short-season adaptation and range extension in cultivated barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 4326-4331.

#### 2013

- BISELLI, C., S. URSO, G. TACCONI, B. STEUERNAGEL, D. SCHULTE, A. GIANINETTI, P. BAGNARESI, N. STEIN, L. CATTIVELLI & G. VALÈ: Haplotype variability and identification of new functional alleles at the *Rdg2a* leaf stripe resistance gene locus. *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 1575-1586.
- COLMSEE, C., T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, M. LANGE, M. MASCHER, S. WEISE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: OPTIMAS-DW, MetaCrop and VANTED: a case study for data integration, curation and visualisation in life sciences. *Proc. ODLS, Lect. Notes Inform. (LNI)* P-220 (2013) 455.

- HOFESTÄDT, R., B. KORMEIER, M. LANGE, F. SCHREIBER, B. SOMMER & S. WEISE: Editorial. *J. Integr. Bioinform.* 10 (2013) e226.
- LÜPKEN, T., N. STEIN, D. PEROVIC, A. HABEKUSS, I. KRAMER, U. HÄHNEL, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ZHOU, R. ARIYADASA, S. TAUDIEN, M. PLATZER, M. MARTIS, K. MAYER, W. FRIEDT & F. ORDON: Genomics-based high-resolution mapping of the BaMMV/BaYMV resistance gene *rym11* in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 1201-1212.
- MARTIS, M.M., R. ZHOU, G. HASENEYER, T. SCHMUTZER, J. VRÁNA, M. KUBÁLKOVÁ, S. KÖNIG, K.G. KUGLER, U. SCHOLZ, B. HACKAUF, V. KORZUN, C.-C. SCHÖN, J. DOLEŽEL, E. BAUER, K.F.X. MAYER & N. STEIN: Reticulate evolution of the rye (*Secale cereale* L.) genome. *Plant Cell* 25 (2013) 3685-3698.
- MASCHER, M., G.J. MUEHLBAUER, D.S. ROKHSAR, J. CHAPMAN, J. SCHMUTZ, K. BARRY, M. MUNOZ-AMATRIAIN, T.J. CLOSE, R.P. WISE, A.H. SCHULMAN, A. HIMMELBACH, K.F.X. MAYER, U. SCHOLZ, J.A. POLAND, N. STEIN & R. WAUGH: Anchoring and ordering NGS contig assemblies by population sequencing (POPSEQ). *Plant J.* 76 (2013) 718-727.
- MASCHER, M., T.A. RICHMOND, D.J. GERHARDT, A. HIMMELBACH, L. CLISSOLD, D. SAMPATH, S. AYLING, B. STEUERNAGEL, M. PFEIFER, M. D'ASCENZO, E.D. AKHUNOV, P.E. HEDLEY, A.M. GONZALES, P.L. MORRELL, B. KILIAN, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ, K.F. MAYER, A.J. FLAVELL, G.J. MUEHLBAUER, R. WAUGH, J.A. JEDDELOH & N. STEIN: Barley whole exome capture: a tool for genomic research in the genus *Hordeum* and beyond. *Plant J.* 76 (2013) 494-505.
- MASCHER, M., I. SCHUBERT, U. SCHOLZ & S. FRIEDEL: Patterns of nucleotide asymmetries in plant and animal genomes. *BioSystems* 111 (2013) 181-189.
- MASCHER, M., S. WU, P. ST. AMAND, N. STEIN & J. POLAND: Application of genotyping-by-sequencing on semiconductor sequencing platforms: a comparison of genetic and reference-based marker ordering in barley. *PLoS One* 8 (2013) e76925.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE, J. FÖRSTER, V. KORZUN, N. STEIN & M.S. RÖDER: Nitrogen-metabolism related genes in barley – haplotype diversity, linkage mapping and associations with malting and kernel quality parameters. *BMC Genetics* 14 (2013) e77.
- MUÑOZ-AMATRIAIN, M., S.R. EICHTEN, T. WICKER, T.A. RICHMOND, M. MASCHER, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ARIYADASA, M. SPANNAGL, T. NUSSBAUMER, K.F.X. MAYER, S. TAUDIEN, M. PLATZER, J.A. JEDDELOH, N.M. SPRINGER, G.J. MUEHLBAUER & N. STEIN: Distribution, functional impact, and origin mechanisms of copy number variation in the barley genome. *Genome Biol.* 14 (2013) R58.
- PELLINO, M., D. HOJSGAARD, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, E. HÖRANDL, H. VOGEL & T.F. SHARBEL: Asexual genome evolution in the apomictic *Ranunculus auricomus* complex: examining the effects of hybridization and mutation accumulation. *Mol. Ecol.* 22 (2013) 5908-5921.
- PEUKERT, M., S. WEISE, M.S. RÖDER & I.E. MATTHIES: Development of SNP markers for genes of the phenylpropanoid pathway and their association to kernel and malting traits in barley. *BMC Genet.* 14 (2013) e97.
- POURSAREBANI, N., R. ARIYADASA, R. ZHOU, D. SCHULTE, B. STEUERNAGEL, M.M. MARTIS, A. GRANER, P. SCHWEIZER, U. SCHOLZ, K.F.X. MAYER & N. STEIN: Conserved synteny-based anchoring of the barley genome physical map. *Funct. Integr. Genomics* 13 (2013) 339-350.
- SCHLÜTER, U., C. COLMSEE, U. SCHOLZ, A. BRÄUTIGAM, A.P.M. WEBER, N. ZELLERHOFF, M. BUCHER, H. FAHNENSTICH & U. SONNEWALD: Adaptation of maize source leaf metabolism to stress related disturbances in carbon, nitrogen and phosphorus balance. *BMC Genomics* 14 (2013) e442.

### Books and Book Chapters

#### 2012

- AREND, D., M. LANGE, C. COLMSEE, S. FLEMMING, J. CHEN & U. SCHOLZ: The e!DAL JAVA-API: Store, share and cite primary data in life sciences. In: GAO, J., R. ALHAJI, W. DUBITZKY, L. UNGAR, C. WU, A. CHRISTIANSON, M. LIEBMAN & X. HU (Eds.): IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), 04.-07.10.2012, Philadelphia, U.S.A., IEEE Catalog Number: CFP12BIB-USB. (2012) 511-515.
- AREND, D.: The e!DAL JAVA-API – store, share and cite primary data in life sciences. In: HOFESTÄDT, R. & N. KOLCHANOV (Eds.): German/Russian Network of Computational Systems Biology: Report 2012, Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik. Shaker-Verlag, Aachen (2012) 46-47.
- LANGE, M.: Management of scientific data at the IPK Gatersleben. In: HOFESTÄDT, R. & N. KOLCHANOV (Eds.): German/Russian Network of Computational Systems Biology: Report 2012, Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik. Shaker-Verlag, Aachen (2012) 32-33.
- LANGE, M., J. CHEN & U. SCHOLZ: The LAILAPS Search Engine. In: U. GOLTZ, M. MAGNOR, H.-J. APPELRATH, H. K. MATTHIES, W.-T. BALKE & L. WOLF (Eds.): INFORMATIK 2012, 42. Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik e.V. (GI), 16.–21.09.2012, Braunschweig, Lect. Notes Inform. (LNI) P-208. Ges. für Informatik, Bonn (2012) 1552-1558.

#### 2013

- AREND, D., M. LANGE, J. CHEN, C. COLMSEE, S. FLEMMING & U. SCHOLZ: The e!DAL JAVA-API: Store, share and cite primary data in life sciences. In: SCHREIBER, F., R. HOFESTÄDT, M. LANGE, U. SCHOLZ, T. CZAUDERNA, R. SCHNEE & S. WEISE (Eds.): Proceedings of the 9<sup>th</sup> International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013, 18.-20.03.2013. Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben (2013) 143-154.
- MEHLHORN, H., M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: Extraction and prediction of biomedical database identifier using neural networks towards data network construction. In: ORDÓÑEZ DE PABLOS, P., M.D. LYTRAS, R. TENNYSON & J.E. LABRA GAYO (Eds.): Cases on Open-Linked Data and Semantic Web Applications. IGI Global, (2013) 58-83.
- SCHREIBER, F., R. HOFESTÄDT, M. LANGE, U. SCHOLZ, T. CZAUDERNA, R. SCHNEE & S. WEISE (Eds.): Proceedings of the 9<sup>th</sup> International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013, 18.-20.03.2013. Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben (2013) 224 pp.

**Other Papers****2012**

LANGE, M., J. CHEN & U. SCHOLZ: The LAILAPS Search Engine: New Features. Proc. 8<sup>th</sup> Int. Symp. Integr. Bioinform. (IB2012), Zhejiang University, Hangzhou, China, 02.-04.04.2012 (2012) 155-157.

MEHLHORN, H., M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: IDPredictor: Predict database links in biomedical database. Proc. 8<sup>th</sup> Int. Symp. Integr. Bioinform. (IB2012), Zhejiang University, Hangzhou, China, 02.-04.04.2012 (2012) 135-148.

PRATZKA, V.: *In silico* analysis of genes involved in the initiation of barley pollen embryogenesis. (Bachelor Thesis) Hochschule Mittweida (FH), Mittweida (2013) 54 pp.

ULPINNIS, C.: Evaluation von Fehlerkorrektur-Algorithmen für Sequenzdaten in komplexen Pflanzengenomen. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 119 pp.

**PhD and Diploma Theses****2012**

AREND, D.: Konzeption und Implementierung einer Datenhaltungsinfrastruktur zur digitalen Langzeitarchivierung und dauerhaften Zitierbarkeit biologischer Primärdaten am Beispiel von "Next-Generation-Sequencing"-Daten. (Diploma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 121 pp.

RÖHL, B.: Entwurf und Implementierung einer Software zur Registrierung von DOI-Nummern für IPK-Primärdaten. (Bachelor Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Fakultät für Informatik, Magdeburg (2012) 54 pp.

STEUERNAGEL, B.: Next generation sequence analysis of the highly repetitive barley genome. (PhD Thesis) Friedrich-Schiller-Universität Jena, Biologisch-Pharmazeutische Fakultät, Jena (2012) 115 pp.

WOLFF, D.: Sequenzanalyse und Visualisierung von *Triticum aestivum* BACs. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Köthen (2012) 68 pp.

**2013**

BEHRENS, A.-K.: Modellierung und Simulation des Purin-Abbaus in der Hefe *Arxula adenivorans*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Köthen (2013) 69 pp.

ESCH, M.: Effizienzsteigerung des Life-Science-IR-Systems LAILAPS mittels Suchanfragenerweiterung. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 94 pp.

GELLNER, M.: Evaluating the impact of genome quality on RNA-seq analysis. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 48 pp.

HECHT, D.: Konzeption und Implementierung eines Freigabeservices zur Registrierung von DOI-Nummern für IPK-Primärdaten. (Bachelor Thesis) Hochschule Harz (FH), Fachbereich Automatisierung und Informatik, Wernigerode (2013) 49 pp.



# PROGRAMME: CYTOGENETICS

## Research Group: Chromosome Structure and Function

Head: Dr. Andreas Houben

### Scientists

#### *IPK financed*

Banaei Moghadam, Ali Mohammad, Dr. (0,50, 01.04.-31.05.2012)

Demidov, Dmitri, Dr. (01.01.-31.01.2013)

Fuchs, Jörg, Dr. (since 01.01.2013)

Heckmann, Stefan (0,50, till 30.04.2013)

Hesse, Susann (0,25, since 01.04.2013)

Klemme, Sonja (0,50, 01.03.-31.05.2013)

Schubert, Veit, Dr. (since 01.01.2013)

Teo, Chee How, Dr. (01.05.-30.09.2012)

#### *Grant Positions*

Aliyeva-Schnorr, Lala (0,65 DFG, since 01.09.2013)

Banaei Moghadam, Ali Mohammad, Dr. (DFG, till 15.01.2012; since 01.06.2012)

Demidov, Dmitri, Dr. (0,65 DFG/SFB 648; 0,10 Wirt-schaft-913121, since 01.05.2013)

Hesse, Susann (0,25 Industry, since 01.04.2013)

Ishii, Takayoshi, Dr. (BMBF, since 01.07.2013)

Jankowska, Maja (0,65 DFG, since 01.04.2012)

Karimi Ashtiyani, Raheleh, Dr. (BMBF)

Klemme, Sonja (0,50 DFG, till 28.02.2013)

Municio Diaz, Celia (Marie-Curie-Scholarship, since 01.11.2013)

#### *Visiting Scientists/Scholars*

Badaeva, Ekaterina, Dr. (DFG, 13.05.-31.05.2013)

Banaei Moghadam, Ali Mohammad, Dr. (self-financed, 16.01.-31.03.2012)

Cuacos, Maria (self-financed, 09.07.-20.08.2012)

Havrankova, Miroslava (DAAD, 08.04.-03.05.2013)

Karafiatova, Miroslava (DAAD, 03.02.-28.02.2013)

Klemme, Sonja (self-financed, 01.06.-31.12.2013)

Kotseruba, Violetta, Dr. (self-financed, 21.04.-16.05.2012)

Ma, Lu, Dr. (self-financed, 01.02.-30.06.2012, Marie-Curie-Fel-lowship, since 18.10.2012)

Ma, Wei (China Scholarship Council – CSC, since 27.09.2012)

Marques da Silva, André Seco (Sandwich-Scholarship, 12.04.-08.10.2013)

Ruprecht, Colin, Dr. (self-financed, 22.04.-26.04.2013)

Tomastikova, Eva (ERASMUS-Fellowship, 12.01.-17.07.2013)

### Goals

Analysis and manipulation of structure, regulation and segregation of plant chromosomes.

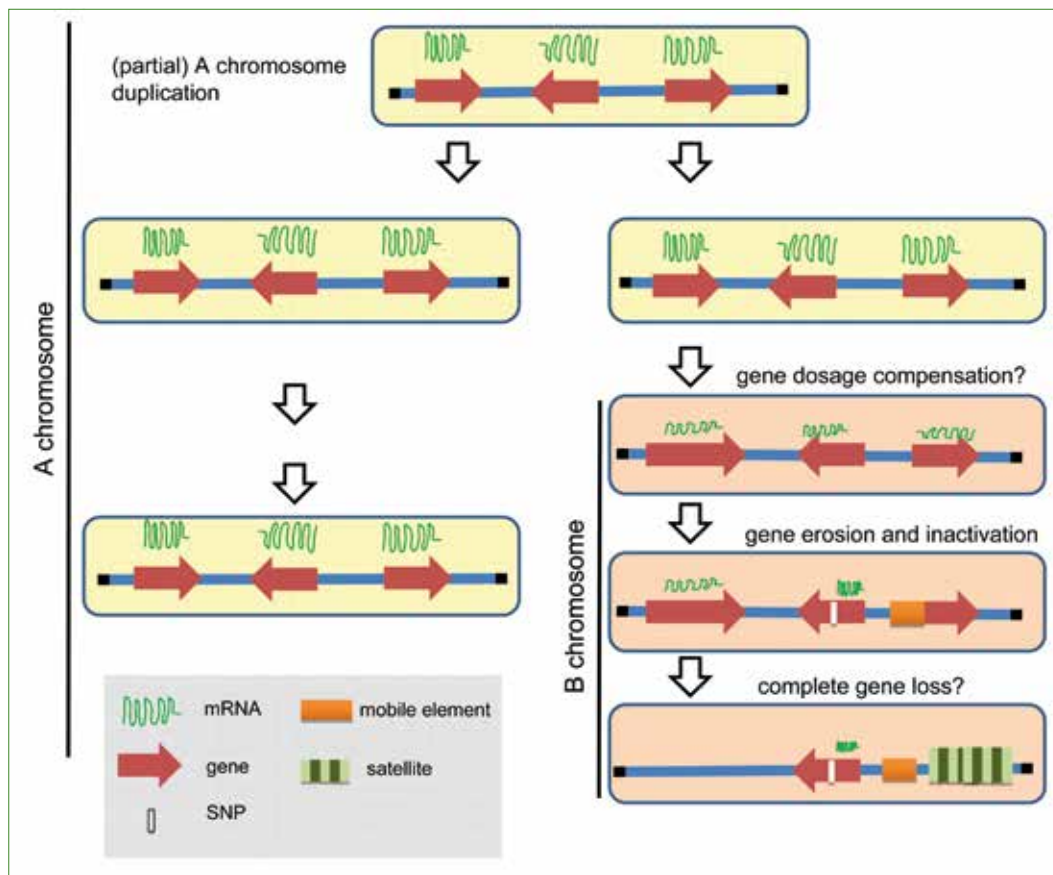
### Research Report

The maintenance of selfish **B chromosomes** (Bs) in natural populations is possible by their transmission at higher than Mendelian frequencies. The mechanism behind its **drive mechanism which takes place during gametogenesis** is largely unknown. We demonstrate that extended cohesion of the B-pericentromere is under the control of a conserved, satellite DNA-enriched nondisjunction control region. The **combination of nondisjunction and of unequal spindle formation at first pollen mitosis results in the accumulation of Bs** in the generative nucleus. In contrast to the prevalent view that supernumerary chromosomes do not contain genes, we demonstrate that the **Bs of rye contribute to the transcriptome of the genome** and also affect *in trans* the activity of standard A chromosome-located genes. We propose a **model for the evolution of B-located pseudogenes** (see Fig. 23, p. 72). Effects associated with the presence of Bs might become explainable by the activity of B-located pseudogenes (A. Banaei-Moghadam, S. Klemme, A. Marques, V. Schubert, R. Karimi-Ashtiyani in cooperation with the research groups Experimental Taxonomy, and external cooperation partners).

The centromere is determined by the **centromere-specific histone H3 variant CENH3**. To test whether CENH3 undergoes post-translational modifications like other histone variants we determined the interplay of members of the Aurora kinase family with CENH3 of *Arabidopsis thaliana*. Interaction between AtAurora3 and AtCENH3 was shown by bimolecular fluorescence complementation in a heterologous system and was confirmed by immunoprecipitation with *A. thaliana* CENH3-GFP transformants. Recombinant **AtAurora3 in vitro phosphorylates CENH3 at position serine 65**. An anti-AtCENH3 Ser65ph-specific antibody demonstrated the highest level of phosphorylation in flower buds. *In planta* replacement of Ser65 by Asp results in somatically stable plants, but an **abnormal flower development indicates the functional importance of regulated CENH3 phosphorylation**.

Anti-**phosphorylated histone H2AThr120** was established as **an universal microscopic marker for centromeric chromatin** of mono- and holocentric plant species (D. Demidov, J. Fuchs, S. Heckmann, V. Schubert and external cooperation partners).

The first comprehensive **characterization of the repetitive fraction of a holocentric plant genome** was performed on *Luzula elegans*. **No typical centromeric sequences** were found instead subtelomeric regions are enriched in satellite repeats. **A novel function of satellites, namely in the physical end-to-end association of homologous sister chromatids during meiotic divisions** has been proposed and meiotic candidate



**Fig. 23** Model for the evolution of B chromosome-located pseudo-genes. The B chromosome of rye descended from A chromosomes after a spontaneous whole or partial genome duplication. Meiotic recombination of proto-B chromosome with donor A chromosomes became restricted. Proto-B chromosome still shows sequence similarity to the parental A chromosomes. The increased gene dosage may affect gene expression and proto-B chromosome-located genes might have been suppressed by, for example, dosage compensation. Finally, B chromosome-located gene sequences became pseudogenized by mutations and accumulation of mobile and satellite DNA (A.M. Banaei-Moghaddam, V. Schubert, K. Kumke, O. Weiß, S. Klemme, A. Houben).

genes were identified (S. Heckmann, M. Jankowska, W. Ma, in cooperation with the research group Bioinformatics and external cooperation partners).

To elucidate components involved in the **organization of interphase nuclei** in plants we **analysed the function and sub-nuclear distribution of the condensin-related CAP-D proteins** of *A. thaliana*. We found that **CAP-D is required for fertility, growth, chromatin organisation, sister chromatid cohesion and in a process preventing the association of centromeric repeats**. Applying super-resolution microscopy we showed that the CAP-D proteins form reticulate structures to organize interphase chromatin architecture (V. Schubert, in cooperation with the research group Quantitative Genetics).

**RNA polymerase II (RNAPII) is responsible for the transcription** of most eukaryotic genes. In mammalian nuclei RNAPII is mainly localized in relatively few distinct transcription factories. In contrast, in plants by super-resolution microscopy it was shown that **inactive and active RNAPII compose distinct "transcription networks" within the euchromatin**. In addition, it was proven that the amount of active and inactive RNAPII enzymes in differentiated leaf nuclei of *A. thaliana* is proportionally increased with rising endopolyploidy. Thus, **increasing the transcriptional activity of cells and tissues seems to be an important function of endopolyploidy** (V. Schubert).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- AGUECI, F., T. RUTTEN, D. DEMIDOV & A. HOUBEN: Arabidopsis AtNek2 kinase is essential and associates with microtubules. *Plant Mol. Biol. Rep.* 30 (2012) 339-348.
- BANAIE-MOGHADDAM, A.M., V. SCHUBERT, K. KUMKE, O. WEISS, S. KLEMME, K. NAGAKI, J. MACAS, M. GONZÁLEZ-SÁNCHEZ, V. HEREDIA, D. GÓMEZ-REVILLA, M. GONZÁLEZ-GARCÍA, J.M. VEGA, M.J. PUERTAS & A. HOUBEN: Nondisjunction in favor of a chromosome: the mechanism of rye B chromosome drive during pollen mitosis. *Plant Cell* 24 (2012) 4124-4134.
- KAPUSI, E., L. MA, C.H. TEO, G. HENSEL, A. HIMMELBACH, I. SCHUBERT, F.M. METTE, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Telomere-mediated truncation of barley chromosomes. *Chromosoma* 121 (2012) 181-190.
- MARQUES, A., S. KLEMME, M. GUERRA & A. HOUBEN: Cytomolecular characterization of de novo formed rye B chromosome variants. *Mol. Cytogenet.* 5 (2012) 34.
- MARTIS, M.M., S. KLEMME, A.M. BANAIE MOGHADDAM, F.R. BLATTNER, J. MACAS, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, H. GUNDLACH, T. WICKER, H. ŠIMKOVÁ, P. NOVÁK, P. NEUMANN, M. KUBALÁKOVÁ, E. BAUER, G. HASENEYER, J. FUCHS, J. DOLEŽEL, N. STEIN, K.F.X. MAYER & A. HOUBEN: Selfish supernumerary chromosome reveals its origin as a mosaic of host genome and organellar sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012) 13343-13346.

SCHROEDER-REITER, E., M. SANEI, A. HOUBEN & G. WANNER: Current SEM techniques for de- and re-construction of centromeres to determine 3D CENH3 distribution in barley mitotic chromosomes. *J. Microsc.* 246 (2012) 96-106.

## 2013

ACEVEDO-GARCIA, J., N.C. COLLINS, N. AHMADINEJAD, L. MA, A. HOUBEN, P. BEDNAREK, M. BENJIDIA, A. FREIALDENHOVEN, J. ALTMÜLLER, P. NÜRNBERG, R. REINHARDT, P. SCHULZE-LEFERT & R. PANSTRUGA: Fine mapping and chromosome walking towards the *Ror1* locus in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 2969-2982.

ALIYU, O.M., M. SEIFERT, J.M. CORRAL, J. FUCHS & T.F. SHARBEL: Copy number variation in transcriptionally active regions of sexual and apomictic *Boechera* demonstrates independently-derived apomictic lineages. *Plant Cell* 25 (2013) 3808-3823.

BANAEI-MOGHADDAM, A.M., K. MEIER, R. KARIMI-ASHTIYANI & A. HOUBEN: Formation and expression of pseudogenes on the B chromosome of rye. *Plant Cell* 25 (2013) 2536-2544.

GOHLKE, J., C.-J. SCHOLZ, S. KNEITZ, D. WEBER, J. FUCHS, R. HEDRICH & R. DEEKEN: DNA methylation mediated control of gene expression is critical for development of crown gall tumors. *PLoS Genet.* 9 (2013) e1003267.

HECKMANN, S., J. MACAS, K. KUMKE, J. FUCHS, V. SCHUBERT, L. MA, P. NOVÁK, P. NEUMANN, S. TAUDIEN, M. PLATZER & A. HOUBEN: The holocentric species *Luzula elegans* shows interplay between centromere and large-scale genome organization. *Plant J.* 73 (2013) 555-565.

HOUBEN, A., M.F. METTE, C.H. TEO, I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: Engineered plant minichromosomes. *Int. J. Dev. Biol.* 57 (2013) 651-657.

KARAFIÁTOVÁ, M., J. BARTOŠ, D. KOPECKÝ, L. MA, K. SATO, A. HOUBEN, N. STEIN & J. DOLEŽEL: Mapping nonrecombining regions in barley using multicolor FISH. *Chromosome Res.* 21 (2013) 739-751.

KARIMI-ASHTIYANI, R. & A. HOUBEN: *In vitro* phosphorylation of histone H<sub>3</sub> at threonine 3 by *Arabidopsis* Haspin is strongly influenced by post-translational modifications of adjacent amino acids. *Mol. Plant* 6 (2013) 574-576.

KLEMME, S., A.M. BANAEI MOGHADDAM, J. MACAS, T. WICKER, P. NOVÁK & A. HOUBEN: High-copy sequences reveal distinct evolution of the rye B chromosome. *New Phytol.* 199 (2013) 550-558.

LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.

MARQUES, A., A.M. BANAEI-MOGHADDAM, S. KLEMME, F.R. BLATTNER, K. NIWA, M. GUERRA & A. HOUBEN: B chromosomes of rye are highly conserved and accompanied the development of early agriculture. *Ann. Bot.* 112 (2013) 527-534.

MAU, M., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. MELZER, J. FUCHS, M. KUHLMANN, N. DE STORME, D. GEELEN & T.F. SHARBEL: The conserved chimeric transcript *UPGRADE-2* is associated with unreduced pollen formation and is exclusively found in apomictic *Boechera*. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1640-1659.

PANDEY, P., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, M. MELZER & T. RUTTEN: Chromatin alterations during pollen development in *Hordeum vulgare*. *Cytogenet. Genome Res.* 141 (2013) 50-57.

SCHUBERT, V., I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: The Arabidopsis CAP-D proteins are required for correct chromatin organization, growth and fertility. *Chromosoma* 122 (2013) 517-533.

SOUSA, A., J. FUCHS & S. RENNER: Molecular cytogenetics (FISH, GISH) of *Coccinia grandis*, a ca. 3 myr-old species of Cucurbitaceae with the largest Y/autosome divergence in flowering plants. *Cytogenet. Genome Res.* 139 (2013) 107-118.

TEO, C.H., I. LERMONTOVA, A. HOUBEN, M.F. METTE & I. SCHUBERT: De novo generation of plant centromeres at tandem repeats. *Chromosoma* 122 (2013) 233-241.

## Books and Book Chapters

### 2012

HOUBEN, A.: Chromosome microdissection and utilization of microisolated DNA. In: BASS, H. & J.A. BIRCHLER (Eds.): *Plant Cytogenetics: Genome Structure and Chromosome Function. Plant Genetics and Genomics: Crops and Models, Vol. 4*, Springer, New York (2012) 257-270.

HOUBEN, A. & M. CARCHILAN: Plant B chromosomes – What makes them different? In: BASS, H. & J.A. BIRCHLER (Eds.): *Plant Cytogenetics: Genome Structure and Chromosome Function. Plant Genetics and Genomics: Crops and Models, Vol. 4*, Springer, New York (2012) 59-78.

### 2013

HECKMANN, S. & A. HOUBEN: Holokinetic centromeres. In: JIANG, J. & J.A. BIRCHLER (Eds.): *Plant Centromere Biology, Vol. 1*, Wiley-Blackwell, Oxford (2013) 83-94.

HOUBEN, A., A.M. BANAEI MOGHADDAM & S. KLEMME: Biology and evolution of B chromosomes. In: GREILHUBER, J., J. DOLEŽEL & J.F. WENDEL (Eds.): *Plant Genome Diversity, Vol. 2, Physical Structure and Evolution of Plant Genomes*. Springer, Wien (2013) 149-165.

HOUBEN, A., D. DEMIDOV & R. KARIMI-ASHTIYANI: Epigenetic control of cell division. In: GRAFI, G. & N. OHAD (Eds.): *Epigenetic Memory and Control in Plants. Series: Signaling and Communication in Plants, Vol. 18*, Springer, Berlin (2013) 155-175.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

SCHOLL, P.: Analyse der funktionellen Interaktion zwischen AtAurora-Kinasen und dem Centromer-spezifischen Histon CENH3. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Köthen (2012) 76 pp.

**2013**

HECKMANN, S.: Structure and regulation of centromeres in mono- and holocentric chromosomes. (PhD Thesis, kumulativ) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 53 pp.

KLEMMER, S.: High copy sequences reveal the unique composition and evolution of the rye B chromosome. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 97 pp.

## Research Group: Apomixis

Head: Dr. Timothy F. Sharbel

### Scientists

#### IPK financed

Mau, Martin (0,50/1,00)

Otto, Lars-Gernot, Dr. (01.12.-14.12.2013)

Pellino, Marco (0,50, since 11.01.2013)

#### Grant Positions

Aliyu, Olawale Mashood, Dr. (DFG, till 14.07.2012)

Corral Garcia, José Maria, Dr. (DFG, till 31.12.2012)

Hilpert, Stefanie (0,50 SAW/Leibniz Graduate School Gatersleben, since 01.10.2012)

Lovell, John Thomson (0,50/1,00 DFG, since 01.01.2012)

Otto, Lars-Gernot, Dr. (BMELV, 01.06.2012-30.11.2013, since 15.12.2013)

Pellino, Marco (0,50 DFG, till 10.01.2013)

#### Visiting Scientists/Scholars

Amiteye, Samuel (International Max Planck Research School grant, till 22.09.2012)

Appelhans, Marc (University Göttingen, 18.12.-20.12.2013)

Bocchini, Marika (self-financed, 08.03.-11.09.2013)

Delaunay Caperta, Ana C., Dr. (Instituto Superior de Agronomia-ISA, 23.01.-11.02.2012)

Eradasappa, E. (Fellowship World Bank, till 11.01.2012)

Garbus, Ingrid (MINCYT-DAAD-Scholarship, 21.09.-05.10.2013)

Lazzaro, Mariateresa (self-financed, 07.11.-20.12.2012)

Navarro Dominguez, Beatriz Maria (Faculty de Ciencias, 17.09.-19.12.2012; Ministerio Cienciae Innovacion, 05.08.-05.09.2013)

Otto, Lars-Gernot, Dr. (self-financed, till 31.05.2012)

Puente Molins, Marta, Dr. (self-financed, till 31.07.2012)

Rois, Ana Sofia (self-financed, 26.09.-20.12.2012)

Sarhanova, Petra (DAAD, till 30.06.2012)

Selva, Juan Pablo (MINCYT-DAAD-Scholarship, 21.09.-25.10.2013)

Sochor, Michal (self-financed, 05.03.-08.06.2012; 17.01.-21.12.2012)

Thiel, Thomas (International Max Planck Research School grant, till 30.06.2012)

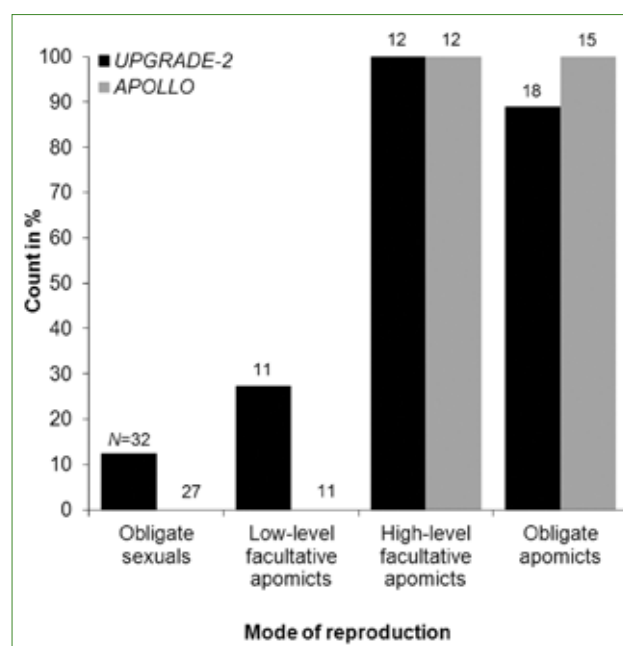
Valverde Morillas, Francisco Javier (University of Granada, 29.02.-10.05.2012; 06.08.-23.12.2012; 28.02.-04.04.2013)

### Goals

Genomic and transcriptomic analyses to identify candidate apomixis factors in wild monocot and dicot species.

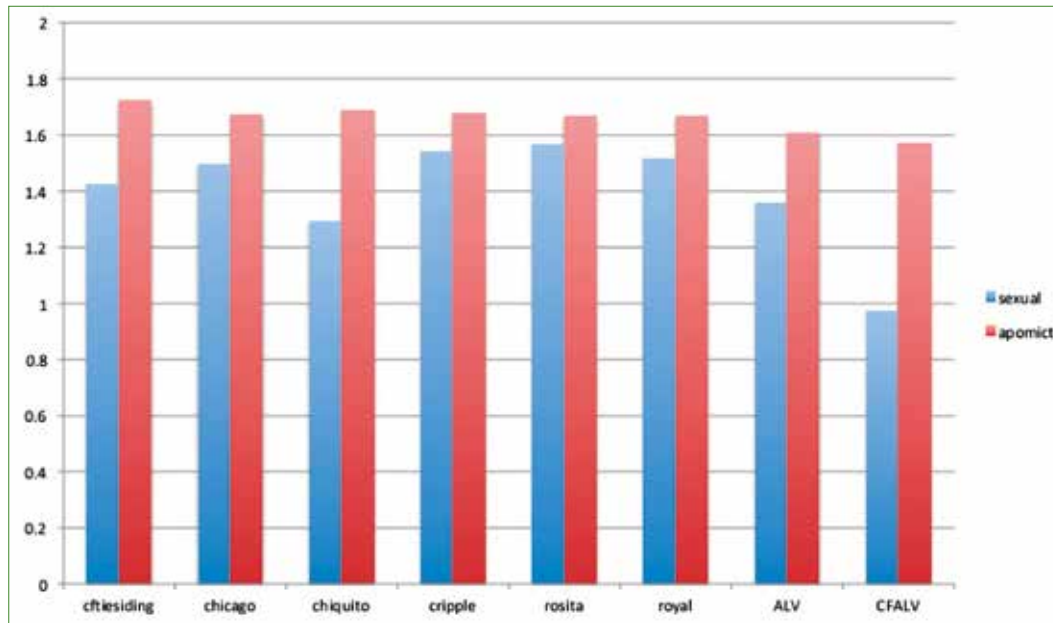
### Research Report

**The *Boechera holboellii* complex:** Using our high throughput seed screening method, in conjunction with custom-made high-density microarrays for tissue-targeted expression analyses, we have identified a **single factor each for meiotically unreduced egg (APOLLO) and pollen (UPGRADE-2) production in apomictic *Boechera***. We hypothesize that both factors are required in order to stabilize apomixis through the combined effects of producing a meiotically-unreduced ovule with balanced endosperm formation. In support of this, our continuing work on these candidates has demonstrated that both factors are highly correlated in apomictic *Boechera* from genetically (i.e. different taxa) and geographically (i.e. thousands of kilometers) divergent genotypes (Fig. 24). Transformation and/or knockdown experiments of both factors are ongoing or in planning stages in various species.



**Fig. 24**

Correlation between *BspUPG-2* and *APOLLO* with apomictic *Boechera*, in genotypes demonstrating quantitative variation in seed formation (M. Mau, J. Corral, J. Lovell, T. Sharbel).



**Fig. 25**  
Consistently elevated ratio of conserved noncoding to 4-fold neutral heterozygous sites in apomictic *Boechnera* from different populations (x-axis) (J. Lovell, T. Sharbel).

We have designed a **3 X 750 000 feature custom (NimbleGen) comparative genome hybridization (CGH) microarray** based upon the sequenced cDNA libraries, and have completed a copy number variation (CNV) experiment on 10 different genotypes each of sexual and apomictic *Boechnera* genotypes. Importantly, these data demonstrate that the apomixis phenotype has been expressed repeatedly from different sexual backgrounds, a result which is consistent with the hypothesized spread of APOLLO and UPGRADE-2 via interspecific hybridization.

In a separate project, we have sequenced 6 genomes each of diploid sexual and diploid apomictic *Boechnera* which occur sympatrically in Colorado, with the goal of measuring **deleterious mutation accumulation** (i.e. Muller's ratchet) which is expected to occur as a result of asexuality. These data have been analysed with respect to phylogenetically distant taxa in order to identify conserved nucleotides (i.e. those with no change across all taxa and sexual *Boechnera*). These conserved nucleotide positions were subsequently analysed in all apomictic genomes, and demonstrate strong evidence for **mutation accumulation at many thousand sites** (Fig. 25).

***Hypericum perforatum*:** We have chosen 650 accessions, representing different ploidy levels and worldwide geographic origins, for which data from 30 microsatellite markers have been analysed. A flow cytometric analysis of 96 seeds per each accession demonstrates genotype-specific quantitative variation for sexual and apomictic seed production. These data demonstrate (1) that *H. perforatum* colonized North America from 3 distinct European genetic lineages over the last 160 years, and

(2) the hexaploids have been repeatedly generated from tetraploids during the course of evolution. Interestingly, tetraploids are highly apomictic, while secondarily-derived hexaploids are highly sexual, providing evidence for dosage of a factor affecting the penetrance of apomixis.

**The *Ranunculus auricomus* complex:** Using Illumina technology, we have **sequenced the complete transcriptomes of 2 apomictic and 3 sexual *Ranunculus* genotypes**, and are using this data to design a **3 X 1.4 million feature custom (NimbleGen) expression microarray**. Live ovules from 4 developmental stages and 5 accessions each of sexual and apomictic *Ranunculus* have been microdissected and a comparative transcriptomal profiling experiment has been completed. **Over 100 000 high quality SNPs have been mined from the sequence data**, and dN/dS ratios between sexual and apomicts imply that divergent selection has acted on genes associated with the switch from sex to apomixis.

***Poa pratensis*:** In our goals to identify apomixis factors in monocots, we have initiated a project in the Kentucky bluegrass (*Poa pratensis*). Using Illumina technology, we have **sequenced the complete transcriptomes each of an apomictic and sexual *Poa pratensis* genotype**, and have used this data to design a **3 X 720K feature custom (NimbleGen) expression microarray**. Live ovules from a single developmental stage from 10 genotypes have been microdissected and a comparative transcriptomal profiling experiment has been completed. These data are in the analysis step.

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

COCKRAM, J., T. THIEL, B. STEURNAGEL, N. STEIN, S. TAUDIEN, P.C. BAILEY & D.M. O'SULLIVAN: Genome dynamics explain the evolution of flowering time CCT domain gene families in the Poaceae. *PLoS One* 7 (2012) e45307.

RÓIS, A.S., G. TEIXEIRA, T.F. SHARBEL, J. FUCHS, S. MARTINS, D. ESPÍRITO-SANTO & A.D. CAPERTA: Male fertility vs sterility, cytotype and DNA quantitative variation in seed production in diploid and tetraploid sea lavenders (*Limonium* sp., Plumbaginaceae) reveal diversity in reproduction modes. *Sex. Plant Reprod.* 25 (2012) 305-318.

VOIGT-ZIELINSKI, M.-L., M. PIWCZYŃSKI & T.F. SHARBEL: Differential effects of polyploidy and diploidy on fitness of apomictic *Boecheira*. *Sex. Plant Reprod.* 25 (2012) 97-109.

#### 2013

ALIYU, O.M., M. SEIFERT, J.M. CORRAL, J. FUCHS & T.F. SHARBEL: Copy number variation in transcriptionally active regions of sexual and apomictic *Boecheira* demonstrates independently-derived apomictic lineages. *Plant Cell* 25 (2013) 3808-3823.

AMITEYE, S., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. KUHLMANN, M.F. METTE & T.F. SHARBEL: Novel microRNAs and microsatellite-like small RNAs in sexual and apomictic *Boecheira* species. *MicroRNA* 2 (2013) 46-63.

CORRAL, J.M., H. VOGEL, O.M. ALIYU, G. HENSEL, T. THIEL, J. KUMLEHN & T.F. SHARBEL: A conserved apomixis-specific polymorphism is correlated with exclusive exonuclease expression in pre-meiotic ovules of apomictic *Boecheira* species. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1660-1672.

DE STORME, N., L. ZAMARIOLA, M. MAU, T.F. SHARBEL & D. GEELEN: Volume-based pollen size analysis: an advanced method to assess somatic and gametophytic ploidy in flowering plants. *Plant Reprod.* 26 (2013) 65-81.

DOBEŠ, C., A. MILOSEVIC, D. PROHASKA, S. SCHEFFKNECHT, T.F. SHARBEL & K. HÜLBER: Reproductive differentiation into sexual and apomictic polyploid cytotypes in *Potentilla puberula* (Potentilleae, Rosaceae). *Ann. Bot.* 112 (2013) 1159-1168.

GALLA, G., M. VOLPATO, T.F. SHARBEL & G. BARCACCIA: Computational identification of conserved microRNAs and their putative targets in the *Hypericum perforatum* L. flower transcriptome. *Plant Reprod.* 26 (2013) 209-229.

HOFRICHTER, J., M. KROHN, T. SCHUMACHER, C. LANGE, B. FEISTEL, B. WALBROEL, H.-J. HEINZE, S. CROCKETT, T.F. SHARBEL & J. PAHNKE: Reduced Alzheimer's disease pathology by St. John's wort treatment is independent of hyperforin and facilitated by ABCC1 and microglia activation in mice. *Curr. Alzheimer Res.* 10 (2013) 1057-1069.

KOCH, M.A., C. SCHERIAU, A. BETZIN, N. HOHMANN & T.F. SHARBEL: Evolution of cryptic gene pools in *Hypericum perforatum*: the influence of reproductive system and gene flow. *Ann. Bot.* 111 (2013) 1083-1094.

LOVELL, J.T., O.M. ALIYU, M. MAU, M.E. SCHRANZ, M. KOCH, C. KIEFER, B.H. SONG, T. MITCHELL-OLDS & T.F. SHARBEL: On the origin and evolution of apomixis in *Boecheira*. *Plant Reprod.* 26 (2013) 309-315.

MAU, M., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. MELZER, J. FUCHS, M. KUHLMANN, N. DE STORME, D. GEELEN & T.F. SHARBEL: The conserved chimeric transcript *UPGRADE-2* is associated with unreduced pollen formation and is exclusively found in apomictic *Boecheira*. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1640-1659.

PELLINO, M., D. HOJSGAARD, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, E. HÖRANDL, H. VOGEL & T.F. SHARBEL: Asexual genome evolution in the apomictic *Ranunculus auricomus* complex: examining the effects of hybridization and mutation accumulation. *Mol. Ecol.* 22 (2013) 5908-5921.

PIWCZYŃSKI, M., A. PONIKIERSKA, R. PUCHALKA & J.M. CORRAL: Expression of anatomical leaf traits in homoploid hybrids between deciduous and evergreen species of *Vaccinium*. *Plant Biol.* 15 (2013) 522-530.

### PhD and Diploma Theses

#### 2012

AMITEYE, S.: MicroRNAs profiling and analysis in floral tissues of sexual and apomictic *Boecheira* species. (PhD Thesis) Ruprecht-Karls-Universität, Heidelberg und International Max Planck Research School (IMPRS), Jena (2012) 153 pp.

#### 2013

LOVELL, J.: What are the factors that constrain or promote adaptation in *Arabidopsis thaliana* and its close relative, *Boecheira*? (PhD Thesis) Colorado State University – Fort Collins/USA (2013) 138 pp.

MAU, M.: Identification, molecular analysis and phylogeographic distribution of the chimeric *UPGRADE-2* gene, a candidate for the initiation of unreduced pollen formation in apomictic *Boecheira* (Brassicaceae). (PhD Thesis) Ruprecht-Karls-Universität, Heidelberg und International Max Planck Research School (IMPRS), Jena (2013) 168 pp.

### Patents

#### 2012

SHARBEL, T. & J. CORRAL-GARCIA: Means and methods to induce Apomixis in plants. WO 2012/163818, Offenlegung: 6.12.2012, IPK-Nr. 2010/02.

## Research Group: Epigenetics (till 31 December 2012)

Head: Dr. Michael Florian Mette

### Scientists

#### IPK financed

Finke, Andreas (0,50, till 31.12.2012)

Teo, Chee How, Dr. (till 30.04.2012)

#### Grant Positions

Kuhlmann, Markus, Dr. (DFG/SFB 648, till 31.12.2012)

### Goals

Analysis and utilisation of epigenetic control mechanisms acting at the chromatin level to warrant regulation and structural maintenance of plant genomes.

### Research Report

The research group Epigenetics was closed down by the end of December 2012.

Short interfering (si) RNAs can act as nucleotide sequence-specific regulators of gene expression at the transcriptional as well as the post-transcriptional level. In plants, siRNAs targeting promoter regions can induce **RNA-directed transcriptional gene silencing (RdTGS)** correlated with **RNA-directed DNA methylation (RdDM)**.

By a reverse genetic approach in *Arabidopsis thaliana*, we could demonstrate in a Plant Molecular Biology article that two closely related members of the suppressor of variegation 3-9-homologous (*SUVH*) group of putative histone methyltransferases, **SUVH2 and SUVH9, act partially non-redundant in RdDM**. DNA methylation analysis at the endogenous RdDM-target *AtSN1* (a *SINE*-like retroelement) in *suvh2* and *suvh9* single mutants revealed that SUVH2 is required for full *AtSN1* methylation during early seed development, while SUVH9 has its impact on RdDM later during vegetative development of the plant. However, in a *suvh2 suvh9* double mutant stronger reduction of *AtSN1* methylation was found than in any of the single mutants. Also histone 3-lysine 9-dimethylation (H3K9me<sub>2</sub>) associated with *AtSN1* was reduced only in the simultaneous absence of functional SUVH2 and SUVH9. Thus, SUVH2 and SUVH9 seem to have overlapping functions in RdDM in spite of some developmental specialisation. As transcripts of the plant-specific DNA-dependent RNA Pol V were reduced in *suvh2 suvh9* double mutants, SUVH2 and SUVH9 might have roles in Pol V complex recruitment (M. Kuhlmann, M.F. Mette).

Utilising a transgene-based reporter system showing particularly high sensitivity to RdTGS, a forward genetic screen for EMS-induced *no rna-directed transcriptional silencing (nrd)* mutants was performed in *Arabidopsis thaliana* in order to identify more components of the RdTGS/RdDM pathway. As we reported in Epigenetics, three of the obtained *nrd* mutant lines contained novel *idn2/rdm12* and *nrpd2a/nrpe2a* loss-of-function alleles. *IDN2/RDM12* encodes a XH/XS domain protein that is able to bind double-stranded RNA with 5'-overhangs, while *NRPD2a/NRPE2a* encodes the common second-largest subunit of DNA-dependent RNA polymerases Pol IV and V involved in silencing. Both, *idn2/rdm12* and *nrpd2a/nrpe2a*, were found to release target transgene expression and reduce CHH context methylation at transgenic as well as endogenous RdDM target regions to a similar extent. Nevertheless, accumulation of inverted repeat-derived siRNAs was not affected, allowing us to establish a refined model of RdDM that positions **function of IDN2 downstream of siRNA formation** and points to an important role for its XH domain (F. Finke, M.F. Mette).

Further, in a cooperative project to harness minichromosomes as shuttles for recombinant genes in plants, **de novo formation of centromeres** via sequence-specific tethering of cenH3 was approached (C.H. Teo, M.F. Mette, in collaboration with research groups Karyotype Evolution and Chromosome Structure and Function).

### Publications

#### Peer Reviewed Papers

#### 2012

FINKE, A., M. KUHLMANN & M.F. METTE: IDN2 has a role downstream of siRNA formation in RNA-directed DNA methylation. *Epigenetics* 7 (2012) 950-960.

FINKE, A., F.M. METTE & M. KUHLMANN: Genetic analysis of RNA-mediated gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. *J. Verbr. Lebensm.* 7 (2012) 27-33.

KAPUSI, E., L. MA, C.H. TEO, G. HENSEL, A. HIMMELBACH, I. SCHUBERT, F.M. METTE, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Telomere-mediated truncation of barley chromosomes. *Chromosoma* 121 (2012) 181-190.

KUHLMANN, M. & M.F. METTE: Developmentally non-redundant SET domain proteins SUVH2 and SUVH9 are required for transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Mol. Biol.* 79 (2012) 623-633.



## 2013

- AMITEYE, S., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. KUHLMANN, M.F. METTE & T.F. SHARBEL: Novel microRNAs and microsatellite-like small RNAs in sexual and apomictic *Boechera* species. *MicroRNA* 2 (2013) 46-63.
- HOUBEN, A., M.F. METTE, C.H. TEO, I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: Engineered plant minichromosomes. *Int. J. Dev. Biol.* 57 (2013) 651-657.
- LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.
- TEO, C.H., I. LERMONTOVA, A. HOUBEN, M.F. METTE & I. SCHUBERT: De novo generation of plant centromeres at tandem repeats. *Chromosoma* 122 (2013) 233-241.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

- BRUCHMÜLLER, A.: Untersuchungen zur post-transkriptionellen Gen-Inaktivierung in (monokotylen und dikotylen) Pflanzen und deren Beeinflussung zur Erhöhung der Transgen-Expression. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 120 pp.

### 2013

- FINKE, A.: Genetic and functional characterization of RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I, Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 131 pp.

## PROGRAMME: FUNCTIONAL GENOME ANALYSIS

### Research Group: Pathogen Stress Genomics

Head: Dr. Patrick Schweizer

#### Scientists

##### IPK financed

Rajaraman, Jeyaraman (0,50, since 03.08.2013)

##### Grant Positions

Chen, Wanxin, Dr. (BMBF, till 31.07.2013)

Douchkov, Dimitar, Dr. (BMBF, till 30.09.2012; BMBF/DPPN, since 01.10.2012)

Hasan, Mainul (0,50 BMBF, till 31.03.2012)

Himmelbach, Axel, Dr. (0,75 BMBF, till 30.04.2010)

Nowara, Daniela, Dr. (Wirtschaft-923920, till 14.10.2012 ; BMBF, since 15.10.2012)

Razzak, Hassan (0,50 BMBF, since 01.08.2012)

##### Visiting Scientists/Scholars

Chen, Wanxin, Dr. (self-financed, since 01.07.2013)

Hu, Wenjin (DAAD, 07.09.-30.11.2013)

Ihlow, Alexander, Dr. (TH Ilmenau, since 01.01.2012)

Zhang, Tingting (DAAD, 07.09.-30.11.2013)

#### Goals

Genes, pathways and biotechnology for pathogen-stress resistance in cereals, and integration with abiotic-stress responses.

#### Research Report

##### *Genes and alleles for pathogen-stress resistance in barley:*

In recent years we have performed a number of functional genomics screens in barley attacked by adapted or non-adapted (nonhost) powdery mildew fungi. This led to the discovery of a shortlist of approximately 40 gene candidates with converging evidence for an important role in PAMP-triggered immunity during host or nonhost interactions (see progress report 2010/2011). Out of these, we currently focus on nine genes of outstanding interest, as briefly outlined below.

Three prioritized candidates were derived from a TIGS (Transient Induced Gene Silencing) screening in barley epidermal cells attacked by the wheat powdery mildew fungus *Blumeria graminis* f.sp. *tritici*. **Rnr5** (Required for Nonhost Resistance 5) encoding **HvARM1, a partial duplicate of the U-box ARM-repeat E3 ligase HvPUB15** turned out to be more relevant for the host- than for the nonhost interaction. Recent data from transient expression or TIGS of *HvARM1*, transgenic *HvARM1* RNAi lines as well as *in vitro* and *in vivo* protein-protein interaction studies suggest that the partial gene duplicate plays a role as decoy of the susceptibility-related E3-ligase *HvPUB15* in susceptible host inter-

actions with the barley powdery mildew *B. graminis* f.sp. *hordei*, possibly interfering with the enforced maintenance of plastid function in powdery mildew-colonized cells. **Rnr6** encoding a **cellulose synthase-like protein** of the D clade (*HvCSLD2*) was found to be important for both quantitative host- as well as non-host resistance. However, progress was slow because the protein turned out to be extremely difficult to express in yeast for enzymatic activity studies, and because cell-wall alterations in transgenic *CSLD2* RNAi lines appear to be subtle, at least as long as local changes at penetration sites are not looked at. Finally, **Rnr8** encoding a **leucine-rich repeat-containing receptor kinase (RLK)** plus three other RLK's with converging evidence for a role in nonhost resistance were selected for site-directed mutagenesis by TALEN technology in barley and for transgenomic complementation in transgenic wheat, in collaboration with J. Kumlehn/research group Plant Reproductive Biology and L. Boyd/NIAB. From the TIGS screening of factors affecting race-nonspecific host resistance we focus on three genes and alleles encoding the **zinc-finger protein *HvLsd1a***, the **germin-like protein *HvGER4*** and a **novel proline-rich protein** with structural similarity to the rice resistance gene ***pi21***. For all three, transgenic RNAi lines have been analysed and confirmed a role in barley-pathogen interactions (A. Himmelbach and D. Douchkov).

##### *Biotechnology for pathogen-stress resistance in barley and wheat:*

From the shortlist of approximately 40 barley candidates with converging evidence for an important role in race-nonspecific resistance we selected 22 for (i) gene marker-assisted single and multiple backcrossing, (ii) triple overexpression of putative resistance-mediating genes, and (iii) triple RNAi of putative susceptibility factories (all driven by pathogen-inducible *HvGER4* promoters) in transgenic barley with emphasis on cell-death regulators and cell-wall modifying proteins. Novel binary vectors were produced and tested, plant material was generated in close collaboration with partners from the BARLEY-fortress consortium, and resistance phenotyping of transgenic- and backcross lines is currently in progress in the greenhouse and will be performed in field trials in 2014, respectively (D. Nowara and D. Douchkov). Host-induced gene silencing (HIGS) in fungal pathogens is a promising approach to durable resistance. The largest effort was invested into improving resistance of barley and wheat against *Fusarium culmorum*, one of the *Fusarium* head blight (FHB) fungi. For this aim, transient and stable silencing by the barley-stripe mosaic virus (BSMV) and in transgenic plants, respectively, was tested. Among other HIGS targets, fungal glucan synthase 1 (*FcGS1*) appeared promising and resulted in enhanced resistance in the greenhouse as well as under field-like conditions, besides phenocopying cell-wall abnormalities described for stable fungal *GS1* RNAi lines (W. Chen and D. Nowara).

### *Integration of biotic and abiotic stress responses:*

At least HvLsd1a, which mediated powdery-mildew susceptibility in barley, may also be relevant for cold- and drought tolerance in plants according to public and IPK internal mutant- and allele data (EXBARDIV project). Transgenic HvLsd1a RNAi lines provided by the group of J. Kumlehn were more resistant to powdery mildew and will be tested for altered drought tolerance in 2014.

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

GOWDA RAYAPURAM, C., M.K. JENSEN, F. MAISER, J.V. SHANIR, H. HORNSHOJ, J.H. RUNG, P.L. GREGERSEN, P. SCHWEIZER, D.B. COLLINGE & M.F. LYNGKJAER: Regulation of basal resistance by a powdery mildew-induced cysteine-rich receptor-like protein kinase in barley. *Mol. Plant Pathol.* 13 (2012) 135-147.

GUERRA, D., A.M. MASTRANGELO, G. LOPEZ-TORREJON, S. MARZIN, P. SCHWEIZER, A.M. STANCA, J.C. DEL POZO, L. CATTIVELLI & E. MAZZUCOTELLI: Identification of a protein network interacting with TdRF1, a wheat RING ubiquitin ligase with a protective role against cellular dehydration. *Plant Physiol.* 158 (2012) 777-789.

SPIES, A., V. KORZUN, R. BAYLES, J. RAJARAMAN, A. HIMMELBACH, P.E. HEDLEY & P. SCHWEIZER: Allele mining in barley genetic resources reveals genes of race-non-specific powdery mildew resistance. *Front. Plant Sci.* 2 (2012) 22 pp.

#### 2013

FLORSCHÜTZ, K., A. SCHRÖTER, S. SCHMIEDER, W. CHEN, P. SCHWEIZER, F. SONNTAG, N. DANZ, K. BARONIAN & G. KUNZE: 'Phytochip' – on-chip detection of phytopathogenic RNA viruses by a new surface plasmon resonance platform. *J. Virol. Methods* 189 (2013) 80-86.

OSTERTAG, M., J. STAMMLER, D. DOUCHKOV, R. EICHMANN & R. HÜCKELHOVEN: The conserved oligomeric Golgi complex is involved in penetration resistance of barley to the barley powdery mildew fungus. *Mol. Plant Pathol.* 14 (2013) 230-240.

PLIEGO, C., D. NOWARA, G. BONCIANI, D.M. GHEORGHE, R. XU, P. SURANA, E. WHIGHAM, D. NETTLETON, A.J. BOGDANOVA, R.P. WISE, P. SCHWEIZER, L.V. BINDSCHEDLER & P.D. SPANU: Host-induced gene silencing in barley powdery mildew reveals a class of ribonuclease-like effectors. *Mol. Plant Microbe Interact.* 26 (2013) 633-642.

POURSAREBANI, N., R. ARIYADASA, R. ZHOU, D. SCHULTE, B. STEURNAGEL, M.M. MARTIS, A. GRANER, P. SCHWEIZER, U. SCHOLZ, K.F.X. MAYER & N. STEIN: Conserved synteny-based anchoring of the barley genome physical map. *Funct. Integr. Genomics* 13 (2013) 339-350.

## Other Papers

#### 2013

REDAKTION PFLANZENFORSCHUNG.DE: Neue Perspektiven für den Pflanzenschutz mit HIGS. Interview mit Dr. habil. Patrick Schweizer über das Projekt "dsRNAguard". <http://www.pflanzenforschung.de/de/journal/journalbeiträge/neue-perspektiven-fuer-den-pflanzenschutz-mit-higs-in-te-10040> (2013).

REDAKTION PFLANZENFORSCHUNG.DE: Projektporträt "dsRNAguard". Kulturpflanzen schalten die Gene ihrer Feinde ab. <http://www.pflanzenforschung.de/de/journal/journalbeiträge/projekt-portraet-dsrnaguard-kulturpflanzen-schalten-die-10041> (2013).

## PhD and Diploma Theses

#### 2012

METZNER, E.M.: Barley infected by powdery mildew – Host transcriptome and proteome changes and the integration of both data sets. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2012) 219 pp.

#### 2013

KRESZIES, T.: Experimental validation of RNA interference efficiency and off-target prediction in barley. (Bachelor Thesis) Hochschule Mittweida, Fakultät für Mathematik/ Naturwissenschaften/Informatik, Mittweida (2013) 65 pp.

## Patents

#### 2012

SCHWEIZER, P., D. DOUCHKOV & S. LÜCK: Method for producing transgenic plants having increased resistance to pathogens. WO 2012/172498, Veröffentlichung: 20.12.2012, IPK-Nr. 2011/03-04.

#### 2013

SCHWEIZER, P., S. LÜCK & D. DOUCHKOV: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (WRKY). WO2013/050611, Veröffentlichung: 11.4.2013, IPK-Nr. 2011/28 (Industrieanmeldung).

SCHWEIZER, P., S. LÜCK & D. DOUCHKOV: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (QTL-5H3). WO2013/050318, Veröffentlichung: 11.4.2013, IPK-Nr. 2011/19 (Industrieanmeldung).

SCHWEIZER, P., S. LÜCK & D. DOUCHKOV: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (UNKOWN\_1). WO2013/050593, Veröffentlichung: 11.4.2013, IPK-Nr. 2011/24 (Industrieanmeldung).

SCHWEIZER, P., S. LÜCK & D. DOUCHKOV: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (PRX\_1). WO2013/053711, Veröffentlichung: 18.4.2013, IPK-Nr. 2011/14 (Industrieanmeldung).

Schweizer, P., S. Lück & D. Douchkov: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (RLK\_2). WO2013/053686, Veröffentlichung: 18.4.2013, IPK-Nr. 2011/21 (Industrieanmeldung).

## Research Group: Gene and Genome Mapping

Head: Dr. Marion Röder

### Scientists

#### IPK financed

Haile, Jemanesh Kifetew (0,50, 01.01.-31.03.2013)

#### Grant Positions

Jaenecke, Cornelia, Dr. (DFG, since 01.02.2012)

Ling, Jie, Dr. (BMBF, since 01.01.2012)

Marzin, Stephan, Dr. (DFG)

Zanke, Christine, Dr. (BMBF, since 01.02.2012)

#### Visiting Scientists/Scholars

Antonova, Elena, Dr. (DFG, 06.10.-30.12.2012)

Bisaria, Dinisha (DAAD, 15.02.-15.11.2012)

Diaz de Leon Alvarez, José Luis, Dr. (self-financed, 01.01.-30.09.2012; 19.08.-26.09.2013)

Ilyas, Mehmoona (Research Fellowship of Higher Education Commission, till 17.02.2012)

Kalladan, Rajesh (self-financed, 01.05.-31.08.2013)

Kifetew Haile, Jemanesh Kifetew (DAAD, 01.01.-31.12.2012; self-financed, 01.04.bis 31.12.2013)

Kumar, Suneel (BMBF, 25.05.-31.07.2012 ; 25.06.-22.11.2013)

Kumar, Uttam, Dr. (BMBF, 25.05.2012-30.06.2013)

Leonova, Irina, Dr. (BLE-Scholarship, 19.11.-19.12.2012)

Terrile, Ignacio Ismael (Monsa Beachell-Borlaug International Scholars, 04.02.-03.05.2013)

Vas, Eszter (DBU, 06.09.2012-31.07.2013)

### Goals

Exploitation of the natural genetic diversity in wheat and barley for identification, genetic mapping and cloning of genes for agronomically important traits.

### Research Report

The comprehensive approach for **association mapping in European winter wheat** was continued in the project VALID by adding 146 new varieties to the existing panel of 372 wheat varieties. In collaboration with breeding companies (KWS-Lochow GmbH, Syngenta Seeds) and the Julius Kühn Institute varieties were evaluated for important agronomic traits, drought tolerance (F. Ordon, C. Balko), and for various fungal diseases, such as *Fusarium* head blight (*Fusarium graminearum* and *Fusarium culmorum*), *Septoria tritici* blotch (*Mycosphaerella graminicola*), tan spot (*Pyrenophora tritici-repentis*) and eye spot (*Pseudocercospora herpotrichoides*) (B. Rodemann). In collaboration with TraitGenetics GmbH (M. Ganal) besides the existing genome-wide microsatellite data, a 90k iSELECT Infi-

nium-chip was used to genotype all varieties, delivering a solid foundation for the establishment of marker-trait associations. For heading date, genome-wide associations were analysed by comparing the use of microsatellite data and SNP data, and a novel *Hd6*-related gene marker was detected by exploiting the synteny between wheat and rice (C. Zanke, Ji. Ling, M. Röder) (see Fig. 26, p. 83). For validating previously detected marker-trait associations for resistance to *Fusarium* head blight and yield, for six cross combinations BC<sub>2</sub>-lines were established by using marker-assisted selection (M. Röder).

The intention of the project SELECT is to establish and apply procedures for the targeted identification of molecular markers in wheat by using **sequence capture technologies**. For this purpose, four chromosomal regions of the hexaploid wheat genome were selected as capture baits and the capture procedure of the company AGILENT was carried out on a panel of 24 wheat lines (C. Zanke). In collaboration with TraitGenetics GmbH, the captured DNA was sequenced on the MiSeq, mapped to reference sequences and analysed for SNPs. In addition, for four cross combinations BC<sub>2</sub>-lines were established to map and validate previously detected marker-trait associations for thousand-grain weight.

A gene family of **pectin esterase inhibitor (PEI) genes** was identified and further characterized in the genomic region around the gene *Rrs2* rendering resistance against leaf scald in barley caused by the fungal pathogen *Rhynchosporium commune*. In collaboration with the group Plant Reproductive Biology (J. Kumlehn, G. Hensel), stable transgenic overexpression lines were generated for the genes *PEI2*, *PEI3* and *PEI4* in the background of the barley variety 'Golden Promise' and tested for their resistance to *Rhynchosporium commune* by applying qPCR to measure the abundance of fungal DNA. Furthermore, virus-induced gene silencing (VIGS) was carried out to silence the complete known family of PEI genes and measure the effects on resistance to scald (S. Marzin).

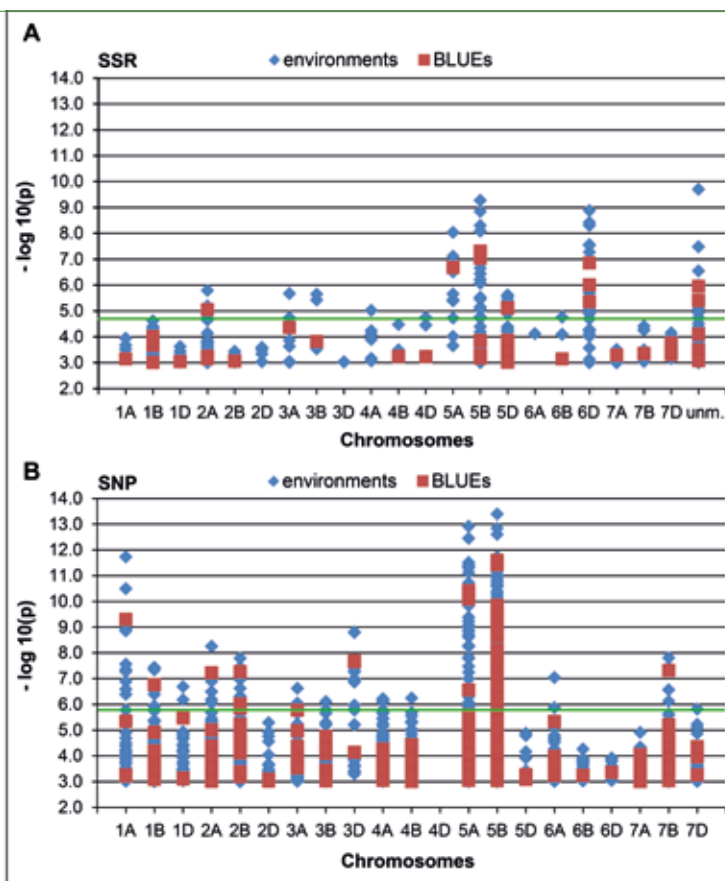
The sequence of the genomic region of **QTL QTgw.ipk-7D for grain size** in wheat was further analyzed and synteny was established to the respective genomic regions in barley, rice, *Sorghum bicolor* and *Brachypodium distachyon*. Further wheat BACs were obtained from J. Doležel and H. Simkova (Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic) and sequenced in collaboration with the group Genome Diversity (A. Himmelbach, N. Stein). Candidate genes were tested for the presence of SNPs between the parental lines and diagnostic nearly-isogenic lines (C. Jaenecke).

A collection of Ethiopian *Triticum durum* landraces was tested for genetic diversity with different sets of markers related to resistance against the **stem rust pathovar UG99**. Furthermore,



**Fig. 26**

Left: Field plots of wheat varieties showing different heading times. (Photo: Courtesy E. Ebmeyer); Right: Manhattan plots of (A) SSR and (B) SNP marker alleles associated with heading date. This plot presents significant allele associations at threshold  $-\log_{10}(P\text{-value}) \geq 3.0$  for eight environments plus BLUEs sorted according to their chromosomal location. The green line indicates the threshold  $-\log_{10}(P\text{-value}) \geq 4.82$  (SSR) and  $\geq 5.89$  (SNP), respectively, for Bonferroni correction. Red diamonds represent the associated alleles for a single environment and blue squares for the marker-trait associations of the BLUEs (C. Zanke).



haplotype analysis was conducted for the same set of lines with markers linked to known stem rust resistance genes (J. K. Haile).

In collaboration with CIMMYT, Mexico, a project was started to develop early flowering wheat lines for hot and dry areas in India. The genotyping of candidate genes of the photoperiodic pathway was started (C. Trautewig, M. Röder).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- BÖRNER, A., E.K. KHLESTKINA, S. CHEBOTAR, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER: Molecular markers in management of *ex situ* PGR – A case study. *J. Biosci.* 37 (2012) 871-877.
- DAWIT, W., K. FLATH, W.E. WEBER, E. SCHUMANN, M.S. RÖDER & X. CHEN: Postulation and mapping of seedling stripe rust resistance genes in Ethiopian bread wheat cultivars. *J. Plant Pathol.* 94 (2012) 403-409.
- HAILE, J.K., M.M. NACHIT, K. HAMMER, A. BADEBO & M.S. RÖDER: QTL mapping of resistance to race Ug99 of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in durum wheat (*Triticum durum* Desf.). *Mol. Breed.* 30 (2012) 1479-1493.
- KELM, C., S.M.T. GHAFARY, H. BRUELHEIDE, M.S. RÖDER, S. MIERSCH, W.E. WEBER, G.H.J. KEMA & B. SAAL: The genetic architecture of seedling resistance to *Septoria tritici* blotch in the winter wheat

doubled-haploid population Solitär × Mazurka. *Mol. Breed.* 29 (2012) 813-830.

- KÖNIG, J., D. KOPAHNKE, B.J. STEFFENSON, N. PRZULJ, T. ROMEIS, M.S. RÖDER, F. ORDON & D. PEROVIC: Genetic mapping of a leaf rust resistance gene in the former Yugoslavian barley landrace MBR1012. *Mol. Breed.* 30 (2012) 1253-1264.
- MATTHIES, I.E., S. SHARMA, S. WEISE & M.S. RÖDER: Sequence variation in the barley genes encoding sucrose synthase I and sucrose phosphate synthase II, and its association with variation in grain traits and malting quality. *Euphytica* 184 (2012) 73-83.
- MATTHIES, I.E., T. VAN HINTUM, S. WEISE & M.S. RÖDER: Population structure revealed by different marker types (SSR or DArT) has an impact on the results of genome-wide association mapping in European barley cultivars. *Mol. Breed.* 30 (2012) 951-966.
- PALIWAL, R., M.S. RÖDER, U. KUMAR, J.P. SRIVASTAVA & A.K. JOSHI: QTL mapping of terminal heat tolerance in hexaploid wheat (*T. aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 125 (2012) 561-575.
- WEIDNER, A., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Mapping wheat powdery mildew resistance derived from *Aegilops markgrafii*. *Plant Genet. Resour.* 10 (2012) 137-140.
- XIE, W., R. BEN-DAVID, B. ZENG, A. DINOOR, C. XIE, Q. SUN, M.S. RÖDER, A. FAHOUM & T. FAHIMA: Suppressed recombination rate in 6VS/6AL translocation region carrying the *Pm21* locus introgressed from *Haynaldia villosa* into hexaploid wheat. *Mol. Breed.* 29 (2012) 399-412.
- XIE, W., R. BEN-DAVID, B. ZENG, M.S. RÖDER, A. DINOOR & T. FAHIMA: Identification and characterization of a novel powdery mildew resistance gene *PmG3M* derived from wild emmer wheat,

- Triticum dicoccoides*. Theor. Appl. Genet. 124 (2012) 911-922.
- ZAYNALI NEZHAD, K., W.E. WEBER, M.S. RÖDER, S. SHARMA, U. LOHWASSER, R.C. MEYER, B. SAAL & A. BÖRNER: QTL analysis for thousand-grain weight under terminal drought stress in bread wheat. Euphytica 186 (2012) 127-138.
- 2013**
- HAILE, J.K., K. HAMMER, A. BADEBO, M.M. NACHIT & M.S. RÖDER: Genetic diversity assessment of Ethiopian tetraploid wheat landraces and improved durum wheat varieties using microsatellites and markers linked with stem rust resistance. Genet. Resour. Crop Evol. 60 (2013) 513-527.
- HAILE, J.K., K. HAMMER, A. BADEBO, R.P. SINGH & M.S. RÖDER: Haplotype analysis of molecular markers linked to stem rust resistance genes in Ethiopian improved durum wheat varieties and tetraploid wheat landraces. Genet. Resour. Crop Evol. 60 (2013) 853-864.
- HAILE, J.K. & M.S. RÖDER: Status of genetic research for resistance to Ug99 race of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*: A review of current research and implications. Afr. J. Agricult. Res. 8 (2013) 6670-6680.
- KALLADAN, R., S. WORCH, H. ROLLETSCHKE, V.T. HARSHAVARDHAN, L. KUNTZE, C. SEILER, N. SREENIVASULU & M.S. RÖDER: Identification of quantitative trait loci contributing to yield and seed quality parameters under terminal drought in barley advanced back-cross lines. Mol. Breed. 32 (2013) 71-99.
- KOLLERS, S., B. RODEMANN, J. LING, V. KORZUN, E. EBMAYER, O. ARGILLIER, M. HINZE, J. PLIESKE, D. KULOSA, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Whole genome association mapping of *Fusarium* head blight resistance in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.). PLoS One 8 (2013) e57500.
- KOLLERS, S., B. RODEMANN, J. LING, V. KORZUN, E. EBMAYER, O. ARGILLIER, M. HINZE, J. PLIESKE, D. KULOSA, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Genetic architecture of resistance to *Septoria tritici* blotch (*Mycosphaerella graminicola*) in European winter wheat. Mol. Breed. 32 (2013) 411-423.
- KRUPPA, K., A. SEPSI, E. SZAKÁCS, M.S. RÖDER & M. MOLNÁR-LÁNG: Characterization of a 5HS-7DS.7DL wheat-barley translocation line and physical mapping of the 7D chromosome using SSR markers. J. Appl. Genet. 54 (2013) 251-258.
- LEONOVA, I.N., E.D. BADAeva, O.A. ORLOVSKAYA, M.S. RÖDER, L.V. KHOTYLEVA, E.A. SALINA & V.K. SHUMNY: Comparative characteristic of *Triticum aestivum*/*Triticum durum* and *Triticum aestivum*/*Triticum dicoccum* hybrid lines by genomic composition and resistance to fungal diseases under different environmental conditions. Russ. J. Genet. 49 (2013) 1112-1118.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE, J. FÖRSTER, V. KORZUN, N. STEIN & M.S. RÖDER: Nitrogen-metabolism related genes in barley – haplotype diversity, linkage mapping and associations with malting and kernel quality parameters. BMC Genetics 14 (2013) e77.
- PEUKERT, M., S. WEISE, M.S. RÖDER & I.E. MATTHIES: Development of SNP markers for genes of the phenylpropanoid pathway and their association to kernel and malting traits in barley. BMC Genet. 14 (2013) e97.
- TIMONOVA, E.M., I.N. LEONOVA, M.S. RÖDER & E.A. SALINA: Marker-assisted development and characterization of a set of *Triticum aestivum* lines carrying different introgressions from the *T. timopheevii* genome. Mol. Breed. 31 (2013) 123-136.
- Other Papers**
- 2012**
- BÖRNER, A., F. FLEISCHER, E.I. GORDEEVA, J.K. HAILE, T. KARCEVA, E.K. KHLESTKINA, B. KOBILJSKI, S. LANDJEVA, U. LOHWASSER, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, N. TIKHENKO, M.S. RÖDER & C. VOLKMAR: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 58 (2012) 68-71.
- BÖRNER, A., E.K. KHLESTKINA, S. PSHENICHNIKOVA, S.V. OSIPOVA, B. KOBILJSKI, A.F. BALINT, S. LANDJEVA, A. GIURA, M.R. SIMON, M.A. REHMAN ARIF, K. NEUMANN, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER: Cereal genetic stocks – examples of successful co-operation (2008-2011). Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 13-18.
- SALEM, K.F.M., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Evaluation of genetic diversity among Egyptian bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties during the period 1947-2004 using microsatellite markers. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 185-191.
- 2013**
- BÖRNER, A., A. BAKHSH, E.I. GORDEEVA, E.K. KHLESTKINA, S. KOLLERS, J. LING, U. LOHWASSER, M. NAGEL, S. NAVAKODE, S.V. OSIPOVA, A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA, M.A. REHMAN ARIF, M.S. RÖDER, M.R. SIMON, N. TIKHENKO & C. VOLKMAR: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 59 (2013) 9-14.
- NAGEL, M., S. NAVAKODE, M.M. NACHIT, M. BAUM, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Durum in a changing climate – drought stress during growing seasons in Syria. Tagungsband der 63. Jahrestagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 19.-21.11.2012, Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Raumberg-Gumpenstein/Austria (2013) 83-85.
- PhD and Diploma Theses**
- 2012**
- HAILE, J.K.: Genetic mapping of resistance to race Ug99 of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, diversity analysis and identification of stem rust resistance genes in Ethiopian tetraploid wheats. (PhD Thesis) Universität Kassel, Kassel (2012) 118 pp.

## Research Group: Genome Plasticity

Head: Dr. Renate Schmidt

### Scientists

#### *IPK financed*

Koppolu, Jahnavi (0,50, 01.05.-16.09.2012; 16.10.2012-15.10.2013)

Le, Loan Thanh (0,50)

#### *Grant positions*

Boudichevskaia, Anastassia, Dr. (Saxony-Anhalt, till 29.02.2012)

Cao, Hieu Xuan, Dr. (BMBF, till 30.06.2012)

Koppolu, Jahnavi (0,50 Saxony-Anhalt, till 30.04.2012)

#### *Visiting Scientists/Scholars*

Boudichevskaia, Anastassia, Dr. (self-financed, 01.03.-31.03.2012)

Koppolu, Jahnavi (self-financed, since 16.10.2013)

Le, Dung Phuong (MOET/DAAD)

### Goals

Study and exploitation of naturally occurring genetic variation in Brassicaceae.

### Research Report

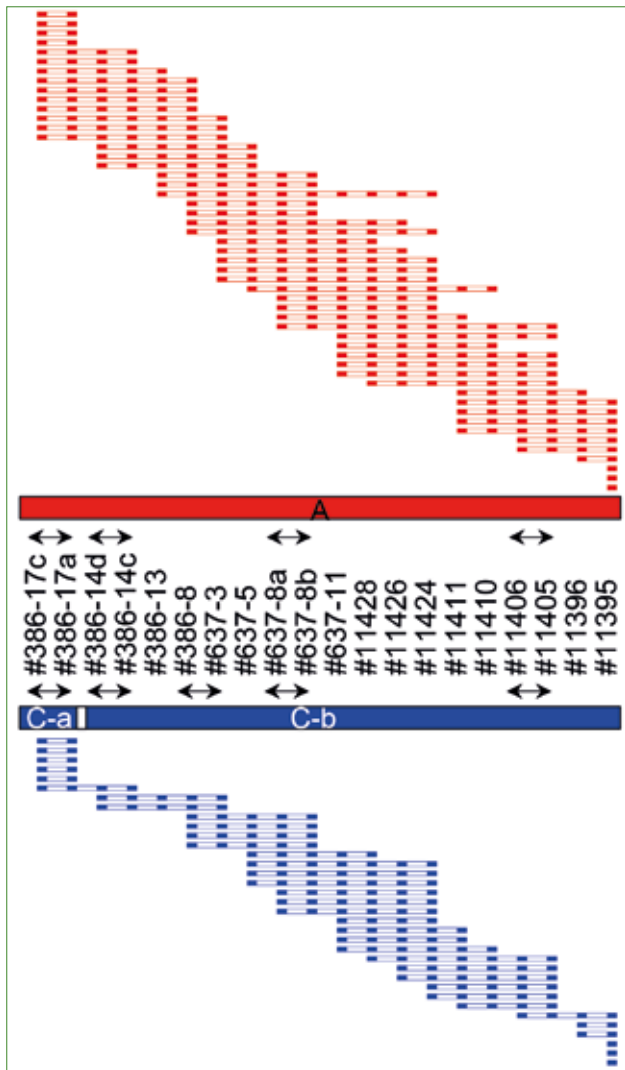
**Screening of a *Brassica napus* bacterial artificial chromosome (BAC) library using highly parallel single nucleotide polymorphism (SNP) assays.** SNPs are particularly versatile molecular markers. They are highly suitable for medium- to high-throughput applications since they can be used in multiplexed format. In the polyploid *B. napus* genome it is important to distinguish two classes of polymorphisms; intragenomic SNPs discriminate between accessions whereas intergenomic SNPs differentiate between homoeologous genomes. A multidimensional screening platform was developed for a *B. napus* BAC library covering approximately ten genome equivalents. Intragenomic and intergenomic SNPs were included in Illumina's GoldenGate<sup>®</sup> Genotyping Assay and both SNP classes were equally suited for the screening of the multidimensional BAC pools of the *B. napus* library, provided that an optimized SNP calling method was implemented (H.X. Cao).

Clone contig maps for genomes can be efficiently generated by BAC fingerprinting, but the assembly of contigs for specific chromosome regions in medium or high-throughput manner poses a challenge. This is especially true for the polyploid *B. napus* genome in which highly similar homoeologous regions need to be discriminated. Intergenomic SNPs may represent a suitable screening tool for such purposes, since they do not only identify homoeologous sequences but also differentiate

between them. Moreover, this SNP class is highly abundant. It was tested whether sequence resources available for the progenitors of *B. napus* (AACC), *Brassica rapa* (AA) and *Brassica oleracea* (CC), can be exploited for the design of intergenomic SNP assays. As a proof of concept, intergenomic SNPs were identified for corresponding regions located on *B. rapa* and *B. oleracea* chromosomes A1 and C1, respectively. Importantly, many polymorphisms that had been detected based on sequence alignments of the *B. rapa* and *B. oleracea* sequences were also present in *B. napus*. Intergenomic SNPs mapping throughout the chosen homoeologous chromosome segments were included in Illumina's GoldenGate<sup>®</sup> Genotyping Assay and used to screen multidimensional pools of the *B. napus* bacterial artificial chromosome library. The screening of the BAC pools with these intergenomic SNPs yielded contigs that spanned most of the homoeologous regions of interest in the *B. napus* genome. Selected results are shown in Fig. 27. Thus, owing to their high abundance and ease of identification, intergenomic SNPs proved to be a powerful tool for the development of BAC contig maps for defined regions of the *B. napus* genome (H.X. Cao, R. Schmidt).

**Natural variation of genes involved in post-transcriptional gene silencing (PTGS).** The study of transgene expression in *Arabidopsis thaliana* Columbia-0 had revealed that high expression level mediated by multiple copies of a particular reporter gene triggers post-transcriptional gene silencing. For *GFP* transgenes under the control of the CaMV 35S promoter the initiation and spread of silencing can be observed non-invasively in populations of isogenic plants throughout development via fluorescence microscopy. Such an experimental set-up is used to evaluate whether T-DNA mutants of selected *A. thaliana* *RDR* genes influence the onset and/or spread of post-transcriptional gene silencing (in collaboration with M. F. Mette, research group Epigenetics).

The study of mutants with impaired PTGS led to the discovery of many genes that play important roles in this process. The natural variation of these genes was studied in 25 genetically diverse *A. thaliana* accessions. Comparative sequence analysis revealed for several candidate genes variants with particularly high sequence divergence in some of the accessions studied when compared to the reference accession Columbia-0. In some instances large indels were found in exon regions. Selected gene variants were introgressed into Columbia-0 transgenic lines harbouring *GFP* transgenes in order to assess whether and to which extent candidate genes with diverged haplotypes affect the process of post-transcriptional gene silencing. Currently, onset and spread of silencing of the *GFP* genes is analysed in the different introgression lines and compared to the silencing behaviour in the Columbia-0 genetic background (L.T. Le, D.P. Le).



**Fig. 27**

BAC contigs of homoeologous *Brassica napus* regions. The intergenomic SNP assays that were used to establish the BAC contigs are shown in the middle. The order of the SNP assays represents that found in the *B. rapa* genome. BACs assigned to the *B. napus* A and C subgenomes are shown as red and blue rectangles, respectively. The resulting BAC contigs are displayed as filled rectangles above and below the SNP assays, respectively. Arrows indicate that assay order cannot be determined based on the BAC contig data (H.X. Cao, R. Schmidt).

**Genetic analysis of seed and yield traits in *Arabidopsis thaliana*.** Quantitative trait locus (QTL) mapping revealed genomic regions of importance for seed and yield related traits in *A. thaliana* recombinant inbred lines derived from the accessions Columbia-0 and C24 (A. Boudichevskaia, J. Koppolu, in collaboration with T. Altmann, research group Heterosis). Genome-wide transcript profiles of seeds were established with Affymetrix ATH1 arrays for a large subset of the recombinant inbred lines. ATH1 arrays are based on the genome sequence of the reference accession Columbia-0, hence the features on the array exactly match the sequences of Columbia-0 transcripts. In contrast, gene sequences from C24 show numerous nucleotide polymorphisms, insertions and deletions when compared to the gene sequences of Columbia-0. We considered the sequence differences between the Columbia-0 and C24 gene sequences for the normalization of the transcript profiling data. Those features on the array that did not match exactly the gene sequences of the C24 accession were also evaluated with re-

spect to their utility as sequence feature polymorphisms (SFP) markers. Many SFP markers were identified and used to generate a dense molecular marker map of the recombinant inbred lines (A. Boudichevskaia, H.X. Cao, R. Schmidt). The normalized genome-wide transcript profiles together with the dense SFP map provide the basis for eQTL analyses (in collaboration with J. Reif, research group Quantitative Genetics).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

MEYER, R.C., H. WITUCKA-WALL, M. BECHER, A. BLACHA, A. BOUDICHEVSKAIA, P. DÖRMANN, O. FIEHN, S. FRIEDEL, M. VON KORFF, J. LISEC, M. MELZER, D. REPSILBER, R. SCHMIDT, M. SCHOLZ, J. SELBIG, L. WILLMITZER & T. ALTMANN: Heterosis manifestation during early *Arabidopsis* seedling development is characterized by intermediate gene expression and enhanced metabolic activity in the hybrids. *Plant J.* 71 (2012) 669-683.

#### 2013

CAO, H.X. & R. SCHMIDT: Screening of a *Brassica napus* bacterial artificial chromosome library using highly parallel single nucleotide polymorphism assays. *BMC Genomics* 14 (2013) e603.

GILS, M., K. KEMPE, A. BOUDICHEVSKAIA, R. JERCHER, D. PESCIANSCHI, R. SCHMIDT, M. KIRCHHOFF & R. SCHACHSCHNEIDER: Quantitative assessment of wheat pollen shed by digital image analysis of trapped airborne pollen grains. *Adv. Crop Sci. Techn.* 2 (2013) 119.

### Books and Book Chapters

#### 2013

SCHMIDT, R. & I. BANCROFT: Perspectives on genetics and genomics of the Brassicaceae (Chinese translation from English language edition 2011). In: SCHMIDT, R. & I. BANCROFT (Eds.): *Genetics and Genomics of the Brassicaceae* (Chinese translation from English language edition 2011). *Plant Genetics and Genomics: Crops and Models*, Vol. 9. Springer, New York et al. (2013) 617-632.

SCHMIDT, R. & I. BANCROFT (Eds.): *Genetics and Genomics of the Brassicaceae* (Chinese translation from English language edition 2011). *Plant Genetics and Genomics: Crops and Models*, Vol. 9. Springer, New York et al. (2013) 677 pp.

TOWN, C., R. SCHMIDT & I. BANCROFT: Comparative genome analysis at the sequence level in the Brassicaceae (Chinese translation from English language edition 2011). In: SCHMIDT, R. & I. BANCROFT (Eds.): *Genetics and Genomics of the Brassicaceae* (Chinese translation from English language edition 2011). *Plant Genetics and Genomics: Crops and Models*, Vol. 9. Springer, New York et al. (2013) 171-194.



# Abteilung Molekulare Genetik/ Department of Molecular Genetics



**Abb. 28**  
Feldvermehrung einer aus Pollen-EMS-Mutagenese hervorgegangenen Maismutantenpopulation (M. Rosso).

**Fig. 28**  
Field propagation of a pollen EMS mutagenesis-derived maize mutant population (M. Rosso).

## Abteilung Molekulare Genetik

Leiter: Prof. Dr. Thomas Altmann

### Allgemeine Forschungsziele

Die Forschungsarbeiten in der Abteilung Molekulare Genetik beziehen sich hauptsächlich auf die Analyse und die Modulation der Leistungsfähigkeit von Pflanzen, wobei Ertragsbezogene physiologische Prozesse im Kontext bestimmter Entwicklungsprozesse adressiert werden. Hierbei werden in steigendem Maße Aspekte der Erforschung genetischer Diversität von Pflanzen untersucht. Sowohl vegetatives Wachstum/Biomasseproduktion und Heterosis (gesteigerte Leistung von Kreuzungsnachkommen gegenüber ihren Eltern) als auch generative Prozesse wie Keimzellbildung, Samenentwicklung und -physiologie und Samenertrag werden intensiv erforscht. Ein wesentliches Ziel der Arbeiten ist die Aufklärung der Regulation zentraler Entwicklungs- und Stoffwechselprozesse, wobei besonders die Rolle von Transkriptionsfaktoren und Metaboliten, von Phytohormonen und von neuartigen/komplexen Signalen untersucht wird.

Das Forschungsprogramm ist geprägt durch die Integration von Untersuchungen grundlegender biologischer Prozesse und Phänomene mit der Entwicklung und Anwendung neuartiger Methoden und Forschungsansätze und der biotechnologischen, anwendungsorientierten Forschung. So werden im Bereich der Molekularbiologie und Stoffwechselphysiologie pflanzlicher Entwicklungsprozesse molekulare Kontrollmechanismen der Gametenentwicklung, der frühen Embryogenese und der Apomixis (Identifizierung und Charakterisierung von (transkriptionellen) Regulatoren) untersucht und genetische Ursachen und molekulare Mechanismen der Variation von Stoffwechsellösungen unter günstigen und ungünstigen Umweltbedingungen (vegetatives Wachstum und Biomasseakkumulation, Heterosis; Samenentwicklung und Speicherstoffakkumulation) analysiert.

Im Bereich der biotechnologischen, anwendungsorientierten Forschung werden Arbeiten zum „Phyto-F(Ph)arming“ (der Produktion neuartiger pflanzlicher Inhaltsstoffe für pharmazeutische und industrielle Anwendungen), zur Entwicklung von Hybridtechnologien (Verfahren zur effizienten Erzeugung von Hybridsaatgut) und zur Steigerung des Ertrages, der Ertragsstabilität und der Qualität von Samen und deren Inhaltsstoffen ausgeführt.

Wichtige Aspekte sind ferner die Entwicklung und Anwendung bioinformatischer Verfahren in den Bereichen Integrative Bioinformatik und Netzwerkanalyse (Datenrepräsentation und -integration, Visualisierung und Exploration, Analyse und Simulation), der Analyse von RNA-, Protein- und Metabolitprofilen und der Bildanalyse für die automatisierte Phänotypisierung. Die Bearbeitung der oben genannten biologischen Fragestellungen werden wesentlich durch die Entwicklung neuer biologischer und experimenteller Ressourcen (s. Abb. 28, S.

## Department of Molecular Genetics

Head: Prof. Thomas Altmann

### Research Goals

Research performed in the department Molecular Genetics is mainly directed towards the analysis and modulation of plant performance addressing yield-related physiological processes in the context of certain developmental processes. This more and more includes aspects of investigating plant genetic diversity. Both, vegetative growth/biomass production and heterosis (enhanced performance of crossbreds over their parental inbreds) and generative processes such as germ cell formation, seed development and physiology, and seed yield are studied in detail. A major goal of the work is the elucidation of the regulation of central developmental and metabolic processes addressing in particular the roles of transcription factors and metabolites, of phytohormones, and of novel/complex signals. The research program is characterised by integration of work directed towards the elucidation of basic biological processes and phenomena, the development and application of novel methods and approaches, and biotechnological, application-oriented research. Thus, in the area of molecular biology and metabolic physiology of plant developmental processes, molecular control mechanisms of gamete development, early embryogenesis, and apomixis (identification and characterisation of (transcriptional) regulators) are elucidated and genetic causes and molecular mechanisms of metabolic performance variation (vegetative growth and biomass accumulation, heterosis; seed development and storage compound accumulation) under optimal and suboptimal environmental conditions are analysed.

In the biotechnological, application-oriented research field work is done on „Phyto-F(Ph)arming“ (production of novel products for pharmaceutical or industrial applications in plants), on the development of hybrid technologies (procedures for efficient production of hybrid seeds), and on the improvement of yield, yield stability and quality of plant seeds and their constituents.

Important aspects are furthermore the development and application of bioinformatic procedures in the area of integrative bioinformatics and network analysis (data representation and integration, visualisation and exploration, analysis and simulation), analysis of RNA-, protein- and metabolite-profile data, and image analysis for automated phenotyping. The investigation of the aforementioned biological topics is strongly supported through development of biological and experimental resources (Fig. 28, p. 87), technologies, and methods. Among others these include e.g. microsampling and analysis, NMR-based localisation and quantification of content substances, GC-MS and LC-MS-based metabolite analytics, microsensors, immunological techniques, nucleic acids analytics and next generation sequencing, and installations and procedures for automated non-invasive phenotyping.

87), Technologien und Methoden unterstützt. Dazu zählen u. a. Mikroprobennahme und -analyse, NMR-basierte Inhaltsstofflokalisierung und -quantifizierung, GC-MS- und LC-MS-basierte Metabolitanalytik, Mikrosensorik, immunologische Verfahren, Nukleinsäureanalytik und -sequenzierung neuester Generation sowie automatisierte nicht-invasive Phänotypisierungsinstallationen und -verfahren.

Ein wesentliches Anliegen der Forschungsarbeiten ist es durch integrative und System-orientierte Analysen ein tieferes Verständnis der Kontrolle und Regulation pflanzlicher Wachstums- und Entwicklungsprozesse in Bezug auf vegetative und generative Leistungen von Pflanzen zu erlangen und Grundlagentenkenntnisse in anwendungsorientierte Untersuchungen einzubringen.

### Entwicklung im Berichtszeitraum

Der Berichtszeitraum ist besonders durch eine wesentliche Intensivierung der Nutzung automatisierter, nicht-invasiver Pflanzenphänotypisierungsverfahren auf der Basis der in den vorherigen Berichtsjahren installierten und in Betrieb genommenen Anlagen (LemnaTec-Systeme für kleine Pflanzen, z. B. *Arabidopsis* und für große Pflanzen, z. B. Mais) gekennzeichnet, mit denen verschiedene optische Daten (Bilder verschiedener Wellenlängenbereiche und Aufnahmeverfahren) von Pflanzen im Hochdurchsatz gewonnen werden. Die Nutzung der hier erhobenen Bilddaten wird durch die ebenfalls im Berichtszeitraum erfolgte Einrichtung einer ersten Version der Bildanalyseplattform (IAP) unterstützt. Ferner wurden die NMR-basierten Verfahren zur nicht-invasiven Bestimmung von Inhaltsstoffgehalten und der 3D-Erfassung von Strukturen und Inhaltsstoffverteilungen (MRI) von Pflanzenteilen (z. B. Samen) erheblich weiterentwickelt und intensiv angewendet. Eine erhebliche Dynamik erfährt die Weiterentwicklung der Pflanzenphänotypisierungsverfahren und -installationen am IPK durch das im Berichtszeitraum initiierte BMBF-geförderte Projekt DPPN (Deutsches Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk; [www.dppn.de](http://www.dppn.de)), das in enger Zusammenarbeit mit Arbeitsgruppen am Forschungszentrum Jülich und dem Helmholtz-Zentrum München bearbeitet wird. Diese abteilungsübergreifende Initiative am IPK wird stark durch die Abteilung Molekulare Genetik getragen und von hier aus koordiniert.

Für eine weitere technische Plattform, die Hochdurchsatz-Sequenzierereinrichtung HiSeq2000 (Illumina), wurden im Berichtszeitraum diverse DNA- und RNA-Sequenzierverfahren eingerichtet, die für (IPK-weite) interne und externe Forschungs Kooperationen genutzt werden.

Wesentliche, im Berichtszeitraum erzielte Erfolge aus den Forschungsarbeiten der Arbeitsgruppen der Abteilung (für ausführlichere Darstellungen siehe die einzelnen Berichte der acht Arbeitsgruppen der Abteilung) beziehen sich auf die Erforschung der genetischen und mechanistischen Grundlagen der Heterosis in Pflanzen und den Möglichkeiten der Hybridleistungsvorhersage auf Basis von Elterndaten sowie der effizienten Erzeugung von Hybridsaatgut, auf die detaillierten Analyse und Modellierung von Stoffwechselprozessen in pflanzlichen Samen, die Steigerung des Samenertrages und der Ertragssta-

A major goal of the research is to gain a deeper understanding of the control and the regulation of plant growth and development with respect to vegetative and generative performance by using an integrative and systems-oriented approach and to transfer results of basic research into application oriented investigations.

### Developments in 2012 and 2013

The reporting period is particularly characterized by a very substantial intensification of the use of automated non-invasive plant phenotyping approaches carried out through the use of installations set up in the previous report years (LemnaTec-systems for small plants, e.g. *Arabidopsis* and for large plants such as maize). These systems yield various optical data (images taken for different wavelengths and through various approaches) on plants captured in high throughput. The use of these image data is supported by the installed first version of an image analysis platform (IAP). Furthermore, NMR-based approaches for non-invasive measurement of constituents and the 3D capture of structures and constituent distributions (MRI) in parts of plants (e.g. seeds) were substantially advanced and applied. A major push to the further development of plant phenotyping approaches and installations is given at IPK through the BMBF-funded DPPN (Deutsches Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk – German Plant Phenotyping Network; [www.dppn.de](http://www.dppn.de)) project, which is carried out in close co-operation with research groups at the Forschungszentrum Jülich and the Helmholtz-Zentrum München. The transdepartmental initiative at IPK is coordinated and substantially covered by the department Molecular Genetics.

For another technical platform, the high throughput sequencer HiSeq2000 (Illumina), several procedures for DNA and RNA sequencing have been implemented during the reporting period and are used for (IPK-wide) internal as well as external research co-operations.

Major successes of the research conducted by the research groups of the department during the reporting period (for more detailed presentation see the individual reports of the eight groups of the department) relate to the elucidation of the genetic and mechanistic bases of heterosis in plants and the opportunity to predict hybrid performance using data on parents, as well as the efficient production of hybrid seeds; they relate furthermore to the detailed analysis and modelling of metabolic processes in plant seeds, the enhancement of seed yield and yield stability (especially for barley and wheat), the identification of identity and/or differentiation regulators of cells or tissues, the optimised production and purification of valuable proteins in plants, and the development and use of bioinformatics approaches for the analysis, and exploration of biological data and the modelling of biological processes in plants (especially metabolism in certain organs and at the whole plant level).

In the reporting period, the work of the junior research group "Data Inspection" has been successfully completed upon termination of funding by the State of Saxony-Anhalt on 31 De-

bilität von Pflanzen (insbesondere Gerste, Weizen), die Identifizierung von Regulatoren der Identität und der Differenzierung von Zellen oder Geweben, der optimierten Produktion wertvoller Proteine in Pflanzen sowie deren Reinigung und der Entwicklung und Anwendung bioinformatischer Verfahren zur Analyse, Modellierung und Erforschung biologischer Daten und der Modellierung biologischer Prozesse in Pflanzen (insbesondere deren Stoffwechsel in bestimmten Organen und auf der Ganzpflanzenebene).

Im Berichtszeitraum wurden die Arbeiten der Nachwuchswissenschaftlergruppe Dateninspektion erfolgreich abgeschlossen, nachdem zum 31. Dezember 2012 die Förderung durch das Land Sachsen-Anhalt auslief. Ferner wechselte die Leitung der zum Interdisziplinären Zentrum für Nutzpflanzenforschung (IZN) der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg und kooperierender außeruniversitärer Einrichtungen gehörenden Nachwuchswissenschaftlergruppe Abiotische Stressgenomik: Mit dem Wechsel des bisherigen Arbeitsgruppenleiters Dr. Nese Sreenivasulu an das International Rice Research Institute (IRRI) auf den Philippinen übernahm Dr. Markus Kuhlmann zum 1. Mai 2013 die Leitungsaufgabe für diese Arbeitsgruppe.

Die folgenden Berichte der Arbeitsgruppen geben detaillierte Einblicke in die Forschungsarbeiten und die erzielten Ergebnisse der einzelnen Arbeitsgruppen der Abteilung.

Thomas Altmann, Januar 2014

cember 2012. Furthermore, the head of the "Abiotic Stress Genomics" group of the Interdisciplinary Center of Crop Plant Research (IZN) of the Martin Luther University of Halle-Wittenberg und cooperating non-university institutions, Dr. N. Sreenivasulu, took a new position at the International Rice Research Institute (IRRI) at the Philippines and the group leader position was filled by Dr. M. Kuhlmann on 1 May 2013.

The following group reports provide more detailed insights into the research and the achieved results of the individual research groups of the department.

Thomas Altmann, January 2014

## Research Group: Heterosis

Head: Prof. Thomas Altmann

### Scientists

#### *IPK financed*

Altschmied, Lothar, Dr.  
 Borisjuk, Lioudmilla, Dr.  
 Brandt, Ronny (0,50/1,00, since 01.10.2012)  
 Fuchs, Johannes (0,50, 01.08.-31.08.2013)  
 Jeon, Hea-Jung (0,50, since 01.10.2013)  
 Meyer, Rhonda, Dr.  
 Radchuk, Ruslana, Dr. (01.04.-30.06.2012)  
 Riewe, David, Dr.  
 Seyfarth, Monique (0,50/0,25, till 31.12.2012)

#### *Grant Positions*

Arana Ceballos, Fernando, Dr. (DFG, till 14.07.2012)  
 Fuchs, Johannes (0,50 Industry, till 31.01.2013; 0,50 BMBF/DPPN, 01.02.-31.07.2013)  
 Gryczka, Corina, Dr. (BMBF, till 31.03.2012)  
 Heinzl, Nicolas, Dr. (Industry)  
 Junker, Astrid, Dr. (0,50 EU, 01.08.2012-31.10.2013; 0,50/1,00 BMBF/DPPN, since 01.11.2012)  
 König, Christina (0,50 DFG, since 15.09.2012)  
 Munz, Eberhard (0,50 DFG, since 01.06.2012)  
 Muraya, Moses Mahugu (BMBF)  
 Radchuk, Volodymyr, Dr. (Industry, since 01.09.2013)  
 Radchuk, Ruslana, Dr. (0,50 Industry, till 31.03.2012)  
 Rolletschek, Hardy, Dr. (Industry, till 31.01.2013; AIF/BMWi, since 01.02.2013)  
 Rosso, Mario, Dr. (BMBF, till 31.03.2013; BMBF/DPPN, since 01.04.2013)  
 Seyfarth, Monique (0,50 Saxony-Anhalt, till 30.04.2012)  
 Shi, Rongli, Dr. (0,75/1,00 DFG, till 30.09.2013; BMBF/DPPN, since 01.10.2013)  
 Tschiersch, Henning, Dr. (BMBF, till 30.04.2012; 1,00/0,50 Industry, till 30.11.2012; 0,50 BMBF/DPPN, since 01.06.2013)  
 Weigelt-Fischer, Kathleen (BMBF, till 31.03.2013; BMBF/DPPN, since 01.07.2013)

#### *Visiting Scientists/Scholars*

Ernst, Michaela, Dr. (self-financed, till 31.05.2012)  
 Jeon, Hea-Jung (Korean Government, till 26.09.2013)  
 Muscolo, Adele (EPPN, 15.09.-02.11.2013)  
 Pawelkowitz, Magdalena (EPPN, 01.06.-30.06.2013)  
 Seifert, Michael, Dr. (self-financed, 01.01.-28.02.2013)  
 Sotak, Miro (self-financed, 18.11.-14.12.2013)

### Goals

With the major aim of identifying factors controlling plant performance characteristics, two complementary research areas are addressed within the group: (I) Genetic/genomic approaches

are followed to identify growth and metabolism controlling factors of vegetative development (addressing mainly *Arabidopsis* and maize). Major emphasis is given to the identification of loci and involved genes contributing to heterosis and the discovery of the underlying molecular and physiological mechanism and to the discovery of genetic and biological markers for the prediction of (vegetative) biomass accumulation. (II) Lipid metabolism and assimilate allocation in seeds (mainly rapeseed, oat, barley and wheat) is investigated using topographical biophysical, biochemical, and molecular analysis procedures to uncover determinants and limiting factors of yield. In support of these lines of research, important technology platforms such as plant phenotyping installations and methods are set up and used as well as a next generation sequencing platform for the analysis of DNA sequence diversity and variation of RNA abundance.

### Research Report

#### **Project area Analysis of Growth and Metabolism during Vegetative Development**

Central aims of the project area are the identification and characterisation of factors influencing vegetative growth and heterosis in relation to plant metabolism. The superior features of the *Arabidopsis* model system are used to identify at the molecular level loci causing variation in growth and metabolite contents. Growth related parameters and metabolic content were recorded in large genotyped populations of recombinant inbred lines (RIL), introgression lines (IL), collections of accessions, and test crosses (TCs) for QTL analyses. Currently, growth (biomass) heterosis QTL are fine-mapped, and candidate genes for heterotic biomass, tyrosine, urea, and fumarate contents are under investigation. Ongoing and future analyses focus on the verification of candidate genes and their functional analyses (qRT-PCR, RNA-Seq), which will include temporally and spatially highly resolved expression and metabolome profiling for primary candidates. An important aspect is the transfer of the knowledge on heterosis and novel concepts gained in *Arabidopsis* to crop species such as maize and rapeseed and comparative analyses.

#### **Identification and analysis of growth and growth heterosis candidate genes**

F1 hybrids between accessions C24 and Col-0 show strong heterosis for early biomass accumulation due to effects on seedling establishment (Meyer et al. 2012). Using QTL mapping analyses in RILs and ILs, the strongest QTL was fine-mapped to 14 genes at the top of chromosome IV (Meyer et al. 2010). Parental accessions C24 and Col-0 were transformed with single genes or cosmids spanning the QTL region (H.-J. Jeon, R.C. Meyer, unpublished results). Lines were phenotyped as homozygous T3 or segregating T2 using the automated plant phenotyping sys-

tem (LemnaTec). Leaf area was altered for two candidate genes, which are also involved in a regulatory network, indicating that the heterotic biomass (hb) QTL at the top of chromosome IV is a complex locus possibly involving more than one gene and epistasis with other loci (H.-J. Jeon, R.C. Meyer, A. Junker, unpublished results). Characterization of T-DNA k.o. mutants of genes in the support interval and testcrosses thereof is ongoing (K. Weigelt, D. Riewe, R.C. Meyer, unpublished data).

A biomass QTL on the top of chromosome III that could be simulated purely on the basis of the metabolic composition of the plants (Lisec et al. 2008) is suspected to be involved in cross talk between metabolism and growth control. To identify the causal gene(s), this bQTL was further fine-mapped in a targeted LD mapping approach with 272 accessions. Significantly associated SNPs cluster between 1.9 and 2.4 Mb resulting in identification of nine candidate genes (M. Seyfarth, unpublished data). Candidate gene T-DNA k.o. mutants were phenotyped using the automated high-throughput plant phenotyping system (LemnaTec). Candidates passing this test are then subjected to qRT-PCR and further phenotyping for validation (R.C. Meyer, C. Klukas, D. Knoch, unpublished results).

#### **Characterization of genes corresponding to metabolite QTL in *Arabidopsis thaliana* and further investigation of growth – metabolism relations**

Based on previous data of metabolite (m)QTL identified through gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS)-based metabolic profiling of RIL and IL populations (Lisec et al. 2008), 30 candidate genes were selected for an initial analysis according to their proposed enzymatic role related to 15 different metabolites affected by mQTL. Effects on abundance of the corresponding metabolite were observed by T-DNA k.o. mutations of 5 genes that were selected for further investigation using also TILLING mutants and dsRNAi lines subjected to GC/MS analyses (Brotman et al. 2011; Riewe et al. 2012).

Characterisation of the tyrosine aminotransferase (TAT) candidate gene *At5g53970* revealed a high impact on tyrosine to tocopherol conversion (Riewe et al. 2012). To investigate the importance of other members of this poorly characterised gene family, effects on metabolism are studied in 14 independent T-DNA k.o. lines for the seven members of the TAT gene family, in tissues in which the mutated locus has a high native expression (eFP Browser). Analyses of polar components (tyrosine and related amino acids) indicated TAT7 as the major contributor to tyrosine conversion in leaf and seed tissue. Most candidates show a significant effect on different groups of metabolites (M. Heuermann, D. Riewe, unpublished results).

Natural genetic variation of metabolism and growth in *Arabidopsis* was further studied in mature seeds of 402 RILs using GC-MS and photometry. 319 metabolites and protein content were quantified and data used in QTL mapping. 573 mQTL and one protein QTL explained up to 92 % of the variance of particular metabolites. PCA revealed a clustering of samples, with PCA1 mapping to the top of chromosome IV proximal to *FRIGIDA*, distinct from the major biomass heterosis QTL located upstream. Correlation/FDR analysis including morphological traits displayed links between the metabolome, protein content and

seed morphology. These data are now used to build multi-trait QTL analyses to increase the power to detect small effect QTL (D. Knoch, J. Koppolu, D. Riewe, R.C. Meyer, R. Schmidt, unpublished results). Future plans include to map the seed lipidomic fraction of metabolites and to extend the approach to genome-wide studies using hundreds of *Arabidopsis* accessions.

#### **Analysis and prediction of performance features in crop plants**

An important aspect is the transfer of the knowledge on heterosis gained in *Arabidopsis* to crop species such as maize and rapeseed. Of particular interest in this context is the prediction of heterosis using parental data: SNPs, structural genome variation (PAV/CNV), metabolite profiles, transcript profiles, and phenotypic measures. Furthermore, we are evaluating the potential hybrid advantages (heterosis) under varying environmental conditions to improve plant performance under natural conditions. In the frame of the GABI-ENERGY cooperation project projects (jointly with A. Melchinger, University of Hohenheim; L. Willmitzer and M. Stitt, MPI-MP Golm; J. Selbig, Potsdam University; M. Ouzunova, KWS Einbeck; and their co-workers) a panel of 289 diverse maize dent inbreds were genotyped using the maize 50k SNP array and were characterized for agronomic traits and metabolite profiles and a subset of 92 inbreds and testcrosses thereof (selected after initial analysis of the entire population) has been characterized for vegetative growth performance under controlled (glass house) conditions, for metabolite composition, and for transcript profiles (M. Ernst, C. Gryczka, S. Friedel, unpublished data). Using field performance data of testcrosses the joint analysis revealed that the parental SNP and metabolite data contain very substantial information useful for prediction of the general combining ability of the inbreds (Riedelsheimer et al. 2012a). Furthermore, correlation of metabolite contents with expression of agronomic traits and association mapping of QTL affecting metabolite levels highlighted individual metabolic pathways such as lignin precursor biosynthesis to contribute to overall plant performance, e.g. dry matter yield formation (Riedelsheimer et al. 2012b). Array-based comparative genomic hybridisation (aCGH) analyses performed on 34 maize inbred lines revealed an extraordinary high level of copy number variation (CNV) or presence/absence variation (PAV) of genomic segments (M. Muraya, M. Seiffert, unpublished data). Within the PLANT-KBBE CornFed cooperation projects (jointly with A. Melchinger, University of Hohenheim; A. Charcosset, INRA Moulon; D. Brunel, CNG Evry; C. Schön, TU München; M. Ouzunova, KWS Einbeck; and their co-workers) detailed genetic and phenotypic characterisation of diverse collections of maize inbred lines ('flint', 'dent', and 'tropical' panels), DH lines and testcrosses thereof has been carried out. These and the aforementioned efforts have led to the accumulation of 50k SNP genotype data for a total of more than 1000 inbred lines and more than 2200 DH lines; the latter are arranged in a nested association mapping (NAM) design (Rincet et al. 2012, Bauer et al. 2013). A series of 265 maize inbred lines were phenotyped for biomass accumulation, water consumption and the collected data were used to determine water use efficiency (M. Muraya, unpublished results). The observed substantial genetic variation of this trait

and preliminary results of genome-wide association tests indicate the opportunity to map and identify genes affecting this agronomically important trait.

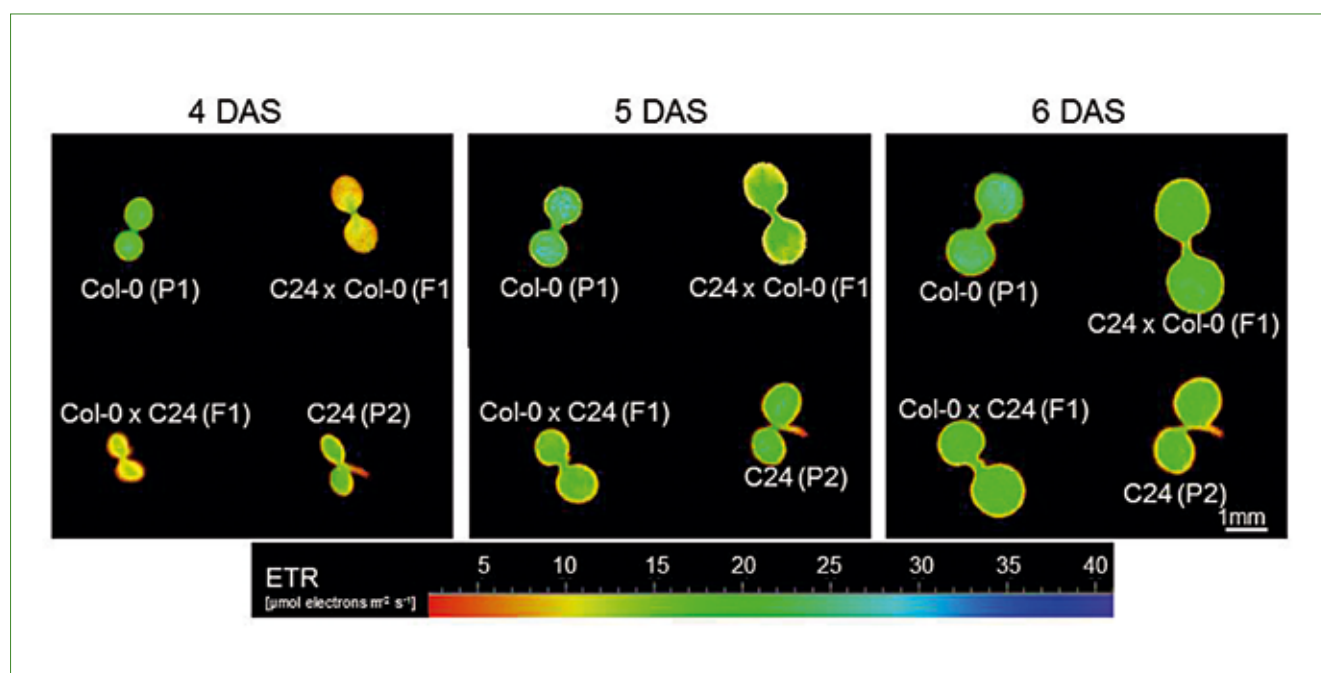
### Upgrade of Plant Phenotyping Platforms

In the first phase of the BMBF-funded DPPN (German Plant Phenotyping Network) project, which was started in October 2012, the existing plant phenotyping platforms (LemnaTec) of IPK are upgraded in order to provide new capabilities: Laser scanner systems are integrated, which support 3D reconstructions of individual plants and stands of plants and to derive more detailed information on plant/stand architecture (and changes over time). New installations are being added for functional chlorophyll fluorescence in order to assess performance characteristics of the plant photosystem II (such as maximum/ effective quantum yield, maximum efficiency, photochemical and non-photochemical quenching, etc., see Fig. 29). Further major upgrades are designed and developed to assess the root system of the plants simultaneously with capturing information of the shoot. Furthermore, a network of online-sensors of environmental data (such as air temperature and humidity, irradiation, and CO<sub>2</sub> concentration as well as soil temperature, moisture and conductivity) and of plant data (such as organ temperature, light reflectance, and growth movements) is set up into the systems to support proper analyses of plant responses to environmental influences.

### Project area Lipid Metabolism in Oil-storing Seeds

To assess the concentration and the distribution of oil, of other storage compounds and to monitor the allocation of assimilates in seeds, methods based on nuclear magnetic resonance (NMR) imaging, and computed tomography have been developed and are intensely used. NMR is a key methodology, which

has been adapted for (a) quantification of 3D lipid gradients in living seeds and fruits of diverse species (Borisjuk et al., *Progress in Lipid Research* 2013); (b) visualisation of *in vivo* compartmentation of metabolism in developing seeds (Rolletschek et al., *Plant Cell* 2011; Borisjuk et al., *Plant Cell* 2013), and (c) discovery of the breathing space in seed (Verboven et al., *New Phytologist* 2013). The technology was further developed to serve a noninvasive platform for high throughput imaging of sub-millimetre seeds (Fuchs et al., *Plant Physiology* 2013) and the NMR approach was linked with state-of-the-art mass spectrometry (MALDI) imaging to visualize numerous lipid species in seeds of cotton (Horn et al., *Plant Cell* 2013) and *Camelina* (Horn et al., *Plant Journal* 2013). The research topic which are addressed using the established technology cover sink/source interactions (Radchuk et al., *New Phytologist* 2012), metabolic regulation in seeds, improvements in storage metabolism and stress resistance (oxygen deficiency, drought; Rolletschek 2012 [Habilitation], Kalladan et al., *Molecular Breeding* 2012). For this purpose, the imaging technologies are combined with traditional 'omics' analyses and metabolic modelling approaches (flux balance analysis). This integrative approach is used to study a range of crop species such as rapeseed, cotton, barley, pea, tobacco and soybean. Specific procedures, such as the NMR-based quantification of seed sizes and composition as well as the assessment of changes in O<sub>2</sub> and CO<sub>2</sub> levels are advanced into multiparallel / high throughput installations within the DPPN project to enable large scale analyses. These aforementioned studies and research projects rely on intense collaboration within IPK (N. von Wirén; F. Schreiber, A. Börner) as well as external collaborations (P. Jakob at Würzburg University, J. Schwender at BNL/USA, K.D. Chapman at Texas University/USA, T. Neuberger at Penn State University/USA).



**Fig. 29** False color representation of Photosystem II electron transport rates of *Arabidopsis thaliana* plants of parents (Col-0, parent 1; C24, parent 2) and F1 hybrids (Col-0 x C24; C24 x Col-0) which display strong heterosis of early biomass accumulation (H. Tschiersch).

**Technology Platform Nucleic Acids Analyses**

For the HiSeq2000 sequencer (Illumina) acquired and installed at the end of 2011, basic library synthesis protocols (DNA and RNA paired-end) have been established in cooperation with research group Genome Diversity (A. Himmelbach) and used for in-house applications and cooperation with external partners (R. Horbach, MLU Halle; H. Flachowsky, JKI Dresden-Pillnitz; F. Ordon/D. Perovic, JKI Quedlinburg; M. Lenhard, University Potsdam; S. Wenkel, ZMBP Tübingen; E. Cellarova, University Kosič, Slovak Republic). These basic capabilities were extended to DNA mate-pair, genotyping by sequencing, and small RNA protocols, which can now routinely be applied. Together with research group Bioinformatics and Information Technology (D. Schüler, S. Flemming, M. Lange) the laboratory information management system (LIMS) was adapted to store relevant information of library synthesis and sequencing runs.

As an application example, cDNA of six different tissues of a diploid, sexual *Hypericum perforatum* accession as well as genomic DNA have been sequenced (Illumina paired-end) in cooperation with research groups Experimental Taxonomy (F. Blattner) and Gene Regulation (H. Bäumllein) and assembled. These data were used to improve the annotation of BAC insert sequences representing parts of the *Hypericum perforatum* apospory locus (HAPPY) and corresponding sexual loci which were previously analysed (using 454 sequencing) in cooperation with research group Genome Diversity (A. Himmelbach). The current assemblies are available through a (password protected) BLAST server (research group BIT, Scholz). Sequence annotation of the polyketide gene family (cooperation with L. Beerhues, University Braunschweig) helped to identify the CHS gene contributing to the HAPPY locus. Currently the improvement of BAC contigs in the HAPPY locus is under way using mate-pair sequences.

**Publications****Peer Reviewed Papers****2012**

- ANDORF, S., R.C. MEYER, J. SELBIG, T. ALTMANN & D. REPSILBER: Integration of a systems biological network analysis and QTL results for biomass heterosis in *Arabidopsis thaliana*. PLoS One 7 (2012) e49951.
- BOGGETTI, B., J. JASIK, M. TAKAMIYA, U. STRÄHLE, A.M. REUGELS & J.A. CAMPOS-ORTEGA: NBP, a zebrafish homolog of human Kank3, is a novel Numb interactor essential for epidermal integrity and neurulation. Dev. Biol. 365 (2012) 164-174.
- BORISJUK, L., H. ROLLETSCHKE & T. NEUBERGER: Surveying the plant's world by magnetic resonance imaging. Plant J. 70 (2012) 129-146.
- BURKART-WACO, D., C. JOSEFSSON, B.R. DILKES, N. KOZLOFF, O. TÖRJEK, R. MEYER, T. ALTMANN & L. COMAI: Hybrid incompatibility in *Arabidopsis* is determined by a multi-locus genetic network. Plant Physiol. 158 (2012) 801-812.
- FAIX, B., V. RADCHUK, A. NERLICH, C. HÜMMER, R. RADCHUK, R.J. NEIL EMERY, H. KELLER, K.P. GÖTZ, W. WESCHKE, P. GEIGENBERGER & H. WEBER: Barley grains, deficient in cytosolic small subunit of ADP-glucose pyrophosphorylase, reveal coordinated adjustment of C:N metabolism mediated by an overlapping metabolic-hormonal control. Plant J. 69 (2012) 1077-1093.
- HORN, P.J., A.R. KORTE, P.B. NEOGI, E. LOVE, J. FUCHS, K. STRUPAT, L. BORISJUK, V. SHULAEV, Y.J. LEE & K.D. CHAPMAN: Spatial mapping of lipids at cellular resolution in embryos of cotton. Plant Cell 24 (2012) 622-636.
- HUANG, X., S. EFFGEN, R.C. MEYER, K. THERES & M. KOORNNEEF: Epistatic natural allelic variation reveals a function of AGAMOUS-LIKE6 in axillary bud formation in *Arabidopsis*. Plant Cell 24 (2012) 2364-2379.
- JUNKER, A. & H. BÄUMLEIN: Multifunctionality of the LEC1 transcription factor during plant development. Plant Signal. Behav. 7 (2012) 1718-1720.
- JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of LEAFY COTYLEDON1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. Plant J. 71 (2012) 427-442.
- JUNKER, A., H. ROHN, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS, A. HARTMANN & F. SCHREIBER: Creating interactive, web-based and data-enriched maps using the Systems Biology Graphical Notation. Nature Protocols 7 (2012) 579-593.
- JUNKER, A., H. ROHN & F. SCHREIBER: Visual analysis of transcriptome data in the context of anatomical structures and biological networks. Front. Plant Sci. 3 (2012) 252.
- JUNKER, A., A. SOROKIN, T. CZAUDERNA, F. SCHREIBER & A. MAZEIN: Wiring diagrams in biology: towards the standardized representation of biological information. Trends Biotechnol. 30 (2012) 555-557.
- KAUR, H., K. SHAKER, N. HEINZEL, J. RALPH, I. GALIS & I.T. BALDWIN: Environmental stresses of field growth allow cinnamyl alcohol dehydrogenase-deficient *Nicotiana attenuata* plants to compensate for their structural deficiencies. Plant Physiol. 159 (2012) 1545-1570.
- LAPIN, D., R.C. MEYER, H. TAKAHASHI, U. BECHTOLD & G. VAN DEN ACKER-VEKEN: Broad spectrum resistance of *Arabidopsis* C24 to downy mildew is mediated by different combinations of isolate-specific loci. New Phytol. 196 (2012) 1171-1181.
- MEYER, R.C., H. WITUCKA-WALL, M. BECHER, A. BLACHA, A. BOUDICHEVSKAIA, P. DÖRMANN, O. FIEHN, S. FRIEDEL, M. VON KORFF, J. LISEC, M. MELZER, D. REPSILBER, R. SCHMIDT, M. SCHOLZ, J. SELBIG, L. WILLMITZER & T. ALTMANN: Heterosis manifestation during early *Arabidopsis* seedling development is characterized by intermediate gene expression and enhanced metabolic activity in the hybrids. Plant J. 71 (2012) 669-683.
- MÖNKE, G., M. SEIFERT, J. KEILWAGEN, M. MOHR, I. GROSSE, U. HÄHNEL, A. JUNKER, B. WEISSHAAR, U. CONRAD, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Towards the identification and regulation of the *Arabidopsis thaliana* ABI3-regulon. Nucleic Acids Res. 40 (2012) 8240-8254.
- MURAYA, M.M., H.H. GEIGER, F. SAGNARD, L. TOURE, P.C.S. TRAORE, S. TOGOLA, S. DE VILLIERS & H.K. PARZIES: Adaptive values of wild × cultivated sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) hybrids in generations F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, and F<sub>3</sub>. Genet. Resour. Crop Evol. 59 (2012) 83-93.
- RADCHUK, V., J. KUMLEHN, T. RUTTEN, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. ROLLETSCHKE, C. HERRFURTH, I. FEUSSNER & L. BORISJUK: Fertility in barley flowers depends on *Jekyll* functions in male and female sporophytes. New Phytol. 194 (2012) 142-157.



- RIEDELSEIMER, C., A. CZEDIK-EYSENBERG, C. GRIEDER, J. LISEC, F. TECHNOW, R. Sulpice, T. Altmann, M. Stitt, L. Willmitzer & A.E. Melchinger: Genomic and metabolic prediction of complex heterotic traits in hybrid maize. *Nat. Genet.* 44 (2012a) 217-220.
- RIEDELSEIMER, C., J. LISEC, A. CZEDIK-EYSENBERG, R. Sulpice, A. Flis, C. Grieder, T. Altmann, M. Stitt, L. Willmitzer & A.E. Melchinger: Genome-wide association mapping of leaf metabolic profiles for dissecting complex traits in maize. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109 (2012b) 8872-8877.
- RIEWE, D., M. KOOHI, J. LISEC, M. PFEIFFER, R. LIPPMANN, J. SCHMEICHEL, L. WILLMITZER & T. ALTMANN: A tyrosine aminotransferase involved in tocopherol synthesis in *Arabidopsis*. *Plant J.* 71 (2012) 850-859.
- RINCENT, R., D. LALOË, S. NICOLAS, T. ALTMANN, D. BRUNEL, P. REVILLA, V.M. RODRIGUEZ, J. MORENO-GONZALES, A.E. MELCHINGER, E. BAUER, C.C. SCHÖN, N. MEYER, C. GIAUFFRET, C. BAULAND, P. JAMIN, J. LABORDE, H. MONOD, P. FLAMENT, A. CHARCOSSET & L. MOREAU: Maximizing the reliability of genomic selection by optimizing the calibration set of reference individuals: Comparison of methods in two diverse groups of maize inbreds (*Zea mays* L.). *Genetics* 192 (2012) 715-728.
- ROHN, H., A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: FluxMap: A VANTED add-on for the visual exploration of flux distributions in biological networks. *BMC Syst. Biol.* 6 (2012) 33.
- ROHN, H., A. JUNKER, A. HARTMANN, E. GRAFAHREND-BELAU, H. TREUTLER, M. KLAPPERSTÜCK, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS & F. SCHREIBER: VANTED v2: a framework for systems biology applications. *BMC Syst. Biol.* 6 (2012) 139.
- SCHREIBER, F., C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, M. KLAPPERSTÜCK, U. SCHOLZ & S. WEISE: MetaCrop 2.0: managing and exploring information about crop plant metabolism. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) D1173-D1177.
- THIEL, J., D. RIEWE, T. RUTTEN, M. MELZER, S. FRIEDEL, F. BOLLENBECK, W. WESCHKE & H. WEBER: Differentiation of endosperm transfer cells of barley – a comprehensive analysis at the micro-scale. *Plant J.* 71 (2012) 639-655.
- TODESCO, M., S. BALASUBRAMANIAN, J. CAO, F. OTT, S. SURESHKUMAR, K. SCHNEEBERGER, R.C. MEYER, T. ALTMANN & D. WEIGEL: Natural variation in biogenesis efficiency of individual *Arabidopsis thaliana* microRNAs. *Curr. Biol.* 22 (2012) 166-170.
- TSCHIRSCH, H., G. LIEBSCH, L. BORISJUK, A. STANGELMAYER & H. ROLLETSCHKE: An imaging method for oxygen distribution, respiration and photosynthesis at a microscopic level of resolution. *New Phytol.* 196 (2012) 926-936.
- WAN, Y., J. JASIK, L. WANG, H. HAO, D. VOLKMAN, D. MENZEL, S. MANCUSO, F. BALUŠKA & J. LIN: The signal transducer NPH3 integrates the Phototropin1 photosensor with PIN2-based polar auxin transport in *Arabidopsis* root phototropism. *Plant Cell* 24 (2012) 551-565.
- ZAYNALI NEZHAD, K., W.E. WEBER, M.S. RÖDER, S. SHARMA, U. LOHWASSER, R.C. MEYER, B. SAAL & A. BÖRNER: QTL analysis for thousand-grain weight under terminal drought stress in bread wheat. *Euphytica* 186 (2012) 127-138.
- A. CHARCOSSET, O.C. MARTIN & C.C. SCHÖN: Intraspecific variation of recombination rate in maize. *Genome Biol.* 14 (2013) R103.
- BORISJUK, L., T. NEUBERGER, J. SCHWENDER, N. HEINZEL, S. SUNDERHAUS, J. FUCHS, J.O. HAY, H. TSCHIRSCH, H.P. BRAUN, P. DENOLF, B. LAMBERT, P.M. JAKOB & H. ROLLETSCHKE: Seed architecture shapes embryo metabolism in oilseed rape. *Plant Cell* 25 (2013) 1625-1640.
- BORISJUK, L., H. ROLLETSCHKE & T. NEUBERGER: Nuclear magnetic resonance imaging of lipid in living plants. *Prog. Lipid Res.* 52 (2013) 465-487.
- FUCHS, J., T. NEUBERGER, H. ROLLETSCHKE, S. SCHIEBOLD, T.H. NGUYEN, N. BORISJUK, G. MELKUS, A. BÖRNER, P. JAKOB & L. BORISJUK: A non-invasive platform for imaging and quantifying oil storage in sub-millimetre tobacco seed<sup>[WJIOA]</sup>. *Plant Physiol.* 161 (2013) 583-593.
- GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, A. ESCHENRÖDER, J. MÜLLER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Multiscale metabolic modeling: dynamic flux balance analysis on a whole plant scale. *Plant Physiol.* 163 (2013) 637-647.
- HAUPTMANN, V., N. WEICHERT, M. MENZEL, D. KNOCH, N. PAEGE, J. SCHELLER, U. SPOHN, U. CONRAD & M. GILS: Native-sized spider silk proteins synthesized *in planta* via intein-based multimerization. *Transgenic Res.* 22 (2013) 369-377.
- HORN, P.J., J.E. SILVA, D. ANDERSON, J. FUCHS, L. BORISJUK, T.J. NAZARENUS, V. SHULAEV, E.B. CAHOON & K.D. CHAPMAN: Imaging heterogeneity of membrane and storage lipids in transgenic *Camelina sativa* seeds with altered fatty acid profiles. *Plant J.* 76 (2013) 138-150.
- JÁSIK, J., B. BOGGETTI, F. BALUŠKA, D. VOLKMAN, T. GENSCHE, T. RUTTEN, T. ALTMANN & E. SCHMELZER: PIN2 turnover in *Arabidopsis* root epidermal cells explored by the photoconvertible protein Dendra2. *PLoS One* 8 (2013) e61403.
- KALLADAN, R., S. WÖRCH, H. ROLLETSCHKE, V.T. HARSHAVARDHAN, L. KUNTZE, C. SEILER, N. SREENIVASULU & M.S. RÖDER: Identification of quantitative trait loci contributing to yield and seed quality parameters under terminal drought in barley advanced backcross lines. *Mol. Breed.* 32 (2013) 71-99.
- KEMPE, K., M. RUBTSOVA, D. RIEWE & M. GILS: The production of male-sterile wheat plants through split barnase expression is promoted by the insertion of introns and flexible peptide linkers. *Transgenic Res.* 22 (2013) 1089-1105.
- KIM, Y.M., N. HEINZEL, J.O. GIESE, J. KOEBER, M. MELZER, T. RUTTEN, N. VON WIRÉN, U. SONNEWALD & M.R. HAJIREZAEI: A dual role of tobacco hexokinase 1 in primary metabolism and sugar sensing. *Plant Cell Environ.* 36 (2013) 1311-1327.
- VERBOVEN, P., E. HERREMANS, L. BORISJUK, L. HELFEN, Q.T. HO, H. TSCHIRSCH, J. FUCHS, B.M. NICOLAI & H. ROLLETSCHKE: Void space inside the developing seed of *Brassica napus* and the modelling of its function. *New Phytol.* 199 (2013) 936-947.

### Books and Book Chapters

#### 2012

- JUNKER, A. & B.H. JUNKER: Synthetic gene networks in plant systems. In: WEBER, W. & M. FUSSENEGGER (Eds.): *Synthetic gene networks: Methods and Protocols*. Meth. Mol. Biol. 813. Humana Press, New York (2012) 343-358.

#### 2013

- BAUER, E., M. FALQUE, H. WALTER, C. BAULAND, C. CAMISAN, L. CAMPO, N. MEYER, N. RANC, R. RINCENT, W. SCHIPPRACK, T. ALTMANN, P. FLAMENT, A.E. MELCHINGER, M. MENZ, J. MORENO-GONZÁLEZ, M. OUZUNOVA, P. REVILLA,

## 2013

GUPTA, K.J. & H. ROLLETSCHKE: Plant respiratory metabolism: a special focus on the physiology of beetroot (*Beta vulgaris*) mitochondria. In: NEELWARNE, B. (Ed.): Red Beet Biotechnology for Food and Pharmaceutical Applications. Springer Science+Business Media, New York (2013) 91-104.

## Other Papers

### 2013

BORISJUK, L.: Looking into plant life. International Innovation 10 (2013) 79.

BORISJUK, L., H. ROLLETSCHKE & P. JAKOB: Visualizing the feature of plant science. International Innovation 10 (2013) 80-81.

KUHLMANN, M. & A. JUNKER (Eds.): Barlomics –omic approaches in the barley field. Abstractbook of the 1<sup>st</sup> IPK Barlomics Summer School 2013. (2013) <http://www.ipk-gatersleben.de/index.php?id=1310>.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

ROLLETSCHKE, H.: Hypoxia – a phenomenon which shapes seed metabolism. (Habilitation) Gottfried-Wilhelm-Leibniz-Universität Hannover, Naturwissenschaftliche Fakultät, Hannover (2012) 286 pp.

WEBER, C.: Analysen der natürlichen Variabilität der Effizienz der Stickstoffnutzung in *Arabidopsis thaliana*. (Diploma Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Fakultät für Verfahrens- und Systemtechnik, Magdeburg (2012) 76 pp.

### 2013

HERTIG, C. W.: Interaktionsstudien von Elementen des Zwei-Komponenten Signalsystems (TCS) aus Gerste mittels Fluoreszenzkomplementation (BiFC). (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2013) 41 pp (+Anhang 48 pp).

SOLBACH, D.: Characterization and expression of novel SWEET-like sucrose transporters in developing seeds of *Arabidopsis* and *Pisum sativum*. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2013) 46 pp.

# Research Group: Seed Development

Head: Dr. Winfriede Weschke

## Scientists

### IPK financed

Kohl, Stefan (0,50, 01.04.-30.06.2012)  
 Meitzel, Tobias (0,50, 01.05.-30.11.2013)  
 Radchuk, Ruslana, Dr. (0,50, till 31.03.2012)  
 Radchuk, Volodymyr, Dr. (0,50, 01.03.-31.08.2013)  
 Thiel, Johannes, Dr. (0,75, 01.06.-31.12.2013)  
 Weber, Hans, Dr.

### Grant Positions

Abewaw, Yemisrach Melkie (0,50 SAW-Pakt, since 08.10.2012)  
 Andersch, Franka (0,50 DFG)  
 Kohl, Stefan (0,50 DFG, till 31.03.2012, since 01.07.2012)  
 Meitzel, Tobias (0,50 DFG, till 30.04.2013)  
 Radchuk, Volodymyr, Dr. (DFG, till 28.02.2013)  
 Radchuk, Ruslana, Dr. (DFG, since 01.07.2012)  
 Thiel, Johannes, Dr. (DFG, till 31.05.2013)

### Visiting Scientists/Scholars

Mora Ramirez, Maria Isabel (DAAD)  
 Tran Thi Thuy, Van (MOET-Scholarship)  
 Wobus, Ulrich, Prof. (self-financed, 01.07.2012-31.12.2013)

## Goals

The general goal is to understand and influence regulatory networks of assimilate and nutrient supply, differentiation and storage product accumulation during crop seed development with the main focus on metabolic, hormonal and transcriptional regulation. Specific emphasis is laid on transfer and remobilization of assimilates, identification of regulators of early endosperm differentiation and on sink-source relationship determining yield-related parameters. Final aim is to improve yield and quality especially of cereal grains.

## Research Report

### (1) Metabolic regulation

Novel winter wheat lines (HOSUT) expressing a barley sucrose transporter under control of the Hordein B1 promoter were used to evaluate the potential of improved sucrose uptake capacity on grain yield and quality under field-like conditions. Grain yield per plot was increased by 20-30 %, together with higher protein yield and iron and zinc concentrations when compared to the non-transformed control (I. Saalbach, I. Mora-Ramirez, funded by DAAD; manuscript accepted). Increased grain yield resulted mainly from elevated Thousand Grain Weight (TGW), and could also be shown for homozygous trans-

genic winter wheat lines expressing a *Vicia faba* amino acid permease under control of the wheat 1Ax1 promoter (XAP), tested under field-like conditions (Y. Abewaw, financed by the Leibniz-Gemeinschaft). Seedlings of HOSUT and XAP lines show elevated root biomass and root branching under both, *in vitro* and *in vivo* conditions. **HOSUT lines** show higher above-ground biomass, premature flowering and ripening, which could be initiated by **faster reserve remobilization during germination** (I. Mora-Ramirez, funded by DAAD). Higher TGW is caused by **higher cell number** established during the pre-storage phase (F. Andersch, J. Fuchs), which is obviously related to **acceleration of the cell cycle** as concluded from transcriptome analyses (F. Andersch, DFG funding). RNAi-lines of barley repressing the vacuolar sucrose transporter HvSUT2, accumulate sucrose in vegetative tissues. In developing grains, sucrose levels were increased accompanied by reduced starch. Transcriptome analysis reveals symptoms of carbohydrate starvation and stress suggesting that sucrose is retained in vacuoles during grain filling (V. Radchuk, DFG funding; manuscript in preparation). Trehalose 6-P (Tre6P) level is controlled by Tre6P synthase and Tre6P phosphatase. The corresponding bacterial enzymes OtsA and OtsB, ectopically expressed in **pea embryos**, increased (OtsA) and reduced Tre6P levels (OtsB) and leads to greenish (OtsA) and viviparous seeds (OtsB). Seeds are wrinkled and have reduced seed weight by 40 % and starch by 50 % indicating that Tre6P balances the flux of sugar intermediates from sucrose to starch. There is evidence for a bi-functional Tre6P signalling triggering developmental switches during the transition phase and fine tuning of carbohydrate utilisation during seed filling (T. Meitzel, DFG funding). The data are prepared for PhD thesis. Two publications are in preparation.

### (2) Hormonal influences

**Two-component signalling** (TCS) is a major signal-transduction pathway regulating cellularisation and further differentiation of **endosperm transfer cells** in barley (Thiel et al. 2012). Putative interaction of all TSC elements was shown by BiFC for one specific ethylene-dependent signal transduction pathway (C. Hertig and J. Thiel, funded by IPK and DFG). Transcriptome studies of developing ETCs indicate that **ABA** influences TCS-mediated initiation of ETC cellularisation, whereas **ethylene** affects differentiation processes (Thiel et al. 2012a, b). After 10 DAF, **ABA** triggers the switch from energy-dependent to diffusion-driven assimilate transfer (J. Thiel, manuscript accepted). The **nucellar projection** (NP) of developing barley grains undergoes dynamic differentiation, which is driven by a distinct and specific shift from lower to higher GA to ABA ratios. Spatial-temporal changes of **GA to ABA balances** are required to form the differentiation gradient, which is prerequisite for ordered transfer processes through the NP. Deregulated ABA to GA balances in the endosperm mutant *seg8* impair NP differentiation and potentially compromises signal and assimilate transfer

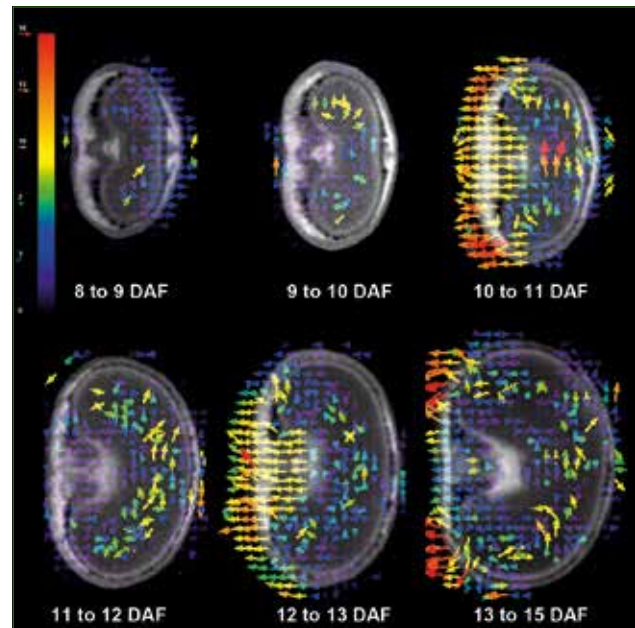
leading to aberrant endosperm growth (D. Weier, J. Thiel, B. Hause, H. Weber, DFG funded; submitted).

### (3) Sink-source relationships

Transcript and metabolite profiling of remobilizing flag leaves, glumes and developing grains suggest that **the transition phase of grain development is reflected also in ear-near vegetative tissues**, indicating that development-specific signals mediate sink-source communication (Kohl et al. 2012). Specific amino acid transporters potentially transport N-assimilates from flag leaf and glumes into the developing endosperm. RNAi-lines targeting six selected transporters under control of their own promoters are being regenerated (St. Kohl, G. Hensel, DFG funded). Omics-networks correlating metabolites and transcripts in source (flag leaf, glumes, pericarp) and sink tissues (pericarp, endosperm) will be established (St. Kohl).

### (4) Cellular disintegration and influences from maternal grain tissues

<sup>1</sup>H-NMR studies of developing barley grains were used for 4-D modelling and establishment of displacement vectors (Fig. 30). Specific pericarp regions of high and low proton density were identified related to growth and cell disintegration, respectively. Caryopsis growth by length is mainly driven by high osmotic potential in the dorsal region, whereas growth by thickness correlates to high proton density in the ventral pericarp. Transcriptome analyses suggest that **auxin imported from the style triggers pericarp growth by length** whereas **GAs control growth by thickness** (W. Weschke, R. Pielot, B. Manz, financed by BMBF and DFG; manuscript in preparation). Vacuolar processing enzymes (VPEs) mediate cell disintegration. HvVPE2a and HvVPE4 were repressed by RNAi in pericarp and NP under control of their own promoters, which leads to reduced TGW and thinner grains. Expression of VPE4 and VPE2a and of *Jekyll* is regulated by the NP-specific transcription factor HvMADS 29 as shown by promoter-binding studies (Van Tran Thie Thyu and V. Radchuk; funded by the Vietnam Ministry of Education and DFG, U. Conrad; manuscript in preparation). Two members encoding small cysteine-rich proteins (CRPs) were identified in pea demonstrating that CRPs, contain the conservative X8 domain and modulate assimilate transport. The pea X8DC gene encoding CRP is predominantly expressed in the early seed coat and embryo. The molecular configuration and extracellular localisation of the **pea X8DC protein** suggest that it either affects symplasmic connections in the thin-walled parenchyma of the seed coat or plays a role in cell wall transformation. The observed cell-toxic properties in tobacco leaves and the putative localisation in developmentally degraded tissues propose a **role in cell fate decision** (R. Radchuk, T. Meitzel, DFG funded).



**Fig. 30** Displacement vectors showing spatial-temporal patterns of growth by thickness in the developing barley caryopsis. The displacement vectors were derived from intensity-based warping of normalized 3-D *in vivo* <sup>1</sup>H-NMR images of developing barley grains between 3 and 15 days after flowering (DAF), (Pielot et al. 2008). For a statistical comparison of the gray value distribution, the NMR datasets of all developmental stages were normalized using the Imaging Software ImageJ (<http://rsb.info.nih.gov/ij/>) and the Plugin "Stack Normalizer". The analysis of displacements was performed with the ImageJ-Plugin PIV (Particle Image Velocimetry) (<https://sites.google.com/site/qingzongtseng/piv>). The direction and magnitude of the optic flow (the displacement) are depicted by a color-coded displacement vector. The scale bar denotes the range of the magnitudes of the vector (R. Pielot, B. Manz, W. Weschke).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- FAIX, B., V. RADCHUK, A. NERLICH, C. HÜMMER, R. RADCHUK, R.J. NEIL EMERY, H. KELLER, K.P. GÖTZ, W. WESCHKE, P. GEIGENBERGER & H. WEBER: Barley grains, deficient in cytosolic small subunit of ADP-glucose pyrophosphorylase, reveal coordinated adjustment of C:N metabolism mediated by an overlapping metabolic-hormonal control. *Plant J.* 69 (2012) 1077-1093.
- KOHL, S., J. HOLLMANN, F.R. BLATTNER, V. RADCHUK, F. ANDERSCH, B. STEUERNAGEL, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, K. KRUPINSKA, H. WEBER & W. WESCHKE: A putative role for amino acid permeases in sink-source communication of barley tissues uncovered by RNA-seq. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 154.
- PFEIFFER, H., H. WEICHERT, G. KLOSE & K. HEREMANS: Hydration behaviour of POPC/C<sub>12</sub>-Bet mixtures investigated by sorption gravimetry, P-<sup>31</sup>NMR spectroscopy and X-ray diffraction. *Chem. Phys. Lipids* 165 (2012) 244-251.
- PUDELSKI, B., A. SCHOCK, S. HOTH, R. RADCHUK, H. WEBER, J. HOFMANN, U. SONNEWALD, J. SOLL & K. PHILLIPAR: The plastid outer envelope protein OEP16 affects metabolic fluxes during ABA-controlled seed development and germination. *J. Exp. Bot.* 63 (2012) 1919-1936.

- RADCHUK, V., J. KUMLEHN, T. RUTTEN, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. ROLLETSCHKE, C. HERRFURTH, I. FEUSSNER & L. BORISJUK: Fertility in barley flowers depends on *Jekyll* functions in male and female sporophytes. *New Phytol.* 194 (2012) 142-157.
- RADCHUK, V., R. RADCHUK, Y. PIRKO, R. VANKOVA, V. KORKHOVOY, H. WEBER, W. WESCHKE & Y.B. BLUME: A somaclonal line *SE7* of finger millet (*Eleusine coracana*) exhibits modified cytokinin homeostasis and increased grain yield. *J. Exp. Bot.* 63 (2012) 5497-5506.
- THIEL, J., J. HOLLMANN, T. RUTTEN, H. WEBER, U. SCHOLZ & W. WESCHKE: 454 transcriptome sequencing suggests a role for two-component signalling in cellularization and differentiation of barley endosperm transfer cells. *PLoS One* 7 (2012) e41867.
- THIEL, J., D. RIEWE, T. RUTTEN, M. MELZER, S. FRIEDEL, F. BOLLENBECK, W. WESCHKE & H. WEBER: Differentiation of endosperm transfer cells of barley – a comprehensive analysis at the micro-scale. *Plant J.* 71 (2012) 639-655.
- TIESSEN, A., A. NERLICH, B. FAIX, C. HUMMER, S. FOX, K. TRAFFORD, H. WEBER, W. WESCHKE & P. GEIGENBERGER: Subcellular analysis of starch metabolism in developing barley seeds using a non-aqueous fractionation method. *J. Exp. Bot.* 63 (2012) 2071-2087.

### 2013

- SREENIVASULU, N. & U. WOBUS: Seed-development programs: a systems biology-based comparison between dicots and monocots. *Annu. Rev. Plant Biol.* 64 (2013) 189-217.
- WU, B., F. ANDERSCH, W. WESCHKE, H. WEBER & J.S. BECKER: Diverse accumulation and distribution of nutrient elements in developing wheat grain studied by laser ablation inductively coupled plasma mass spectrometry imaging. *Metallomics* 5 (2013) 1276-1284.

### Books and Book Chapters

#### 2012

- WOBUS, A.M., U. WOBUS & B. PARTHIER (Eds.): Wachstum und Reifung in Natur und Gesellschaft, Gaterslebener Begegnung 2011, Nova Acta Leopoldina, Neue Folge, Bd. 115, Nr. 393. Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft, Stuttgart (2012) 287 pp.
- WOBUS, A.M. & U. WOBUS: 25 Jahre Gaterslebener Begegnungen – ein persönlicher Rückblick. In: WOBUS, A.M., U. WOBUS & B. PARTHIER (Eds.): Wachstum und Reifung in Natur und Gesellschaft, Gaterslebener Begegnung 2011, Nova Acta Leopoldina, Neue Folge, Bd. 115, Nr. 393. Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft, Stuttgart (2012) 265-278.

### Other Papers

#### 2012

- WOBUS, U.: Hans Stubbe und die Züchtungsforschung. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 83 (2012) 79-88.

### PhD and Diploma Theses

#### 2012

- STAROSKE, N.: ABA-Immunmodulierung sich entwickelnder Gers-tenkaryopsen. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2012) 147 pp.

#### 2013

- HERTIG, C.W.: Interaktionsstudien von Elementen des Zwei-Komponenten Signalsystems (TCS) aus Gerste mittels Fluoreszenzkomplementation (BiFC). (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2013) 41 pp (+ Anhang 48 pp).
- SOLBACH, D.: Characterization and expression of novel SWEET-like sucrose transporters in developing seeds of *Arabidopsis* and *Pisum sativum*. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 46 pp.
- ZIETZ, M.: Exploring the function of X8 domain-containing proteins using co-expression and protein-protein interaction studies. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 42 pp.

## Research Group: Gene Regulation

Head: Dr. Helmut Bäumlein

### Scientists

#### IPK financed

Johnston, Amal Joseph, Dr. (0,50, 01.09.-31.12.2012)

Kirioukhova, Olga, Dr. (till 31.05.2013)

Tedeschi, Francesca, Dr. (since 15.06.2013)

#### Grant Positions

Hoang, Phan Trong, Dr. (DFG, 01.04.-31.05.2013)

Johnston, Amal Joseph, Dr. (0,50 DFG, 01.09.-31.12.2012)

Köszegi, David, Dr. (0,50 DFG, till 15.04.2012)

Rizzo, Paride (0,50 DFG)

Schallau, Anna, Dr. (DFG, till 31.05.2012)

Tedeschi, Francesca, Dr. (0,50 DFG, 01.08.2012-14.06.2013)

#### Visiting Scientists/Scholars

Huong, Bui Thi Mai (Scholarship Government Vietnam, since 27.09.2012)

Johnston, Amal Joseph, Dr. (Humboldt-Fellowship, till 31.08.2012; self-financed, 01.01.-31.03.2013)

Šarahnová, Petra (DAAD, till 30.06.2012)

### Goals

Analysis of gene networks during gametophyte development and embryogenesis.

### Research Report

The group deals with the molecular dissection of genetic and epigenetic pathways that control sexual and asexual plant reproduction including zygotic, apomictic, somatic and androgenetic processes.

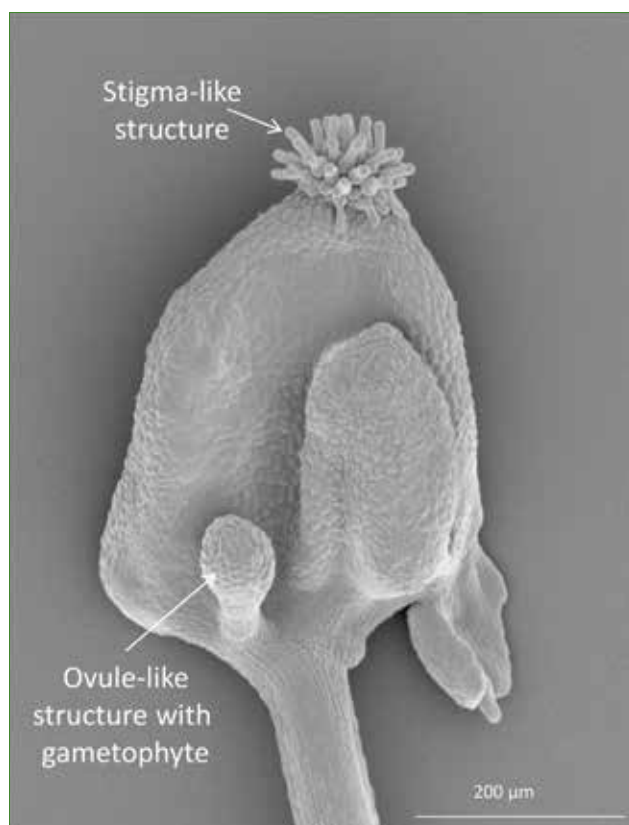
In *Hypericum*, we further characterise the **HAPPY locus** which co-segregates with apospory, an important component of apomixis (F. Tedeschi, A. Czihal, cooperation with L. Altschmied). The apo-linked allele contains destroyed genes, is extended by the insertion of copia-like transposons and composed of three contributing sexual loci. To improve assembly and annotation two overlapping BACs (in total 0.6 Mb) of the aposporous allele have been reanalyzed by mate paired sequencing (cooperation with L. Altschmied). Deep RNA sequencing is going to be carried on carefully characterised reproductive organs at different developmental stages with the aim of identifying candidate genes of critical importance for the occurrence of aposporic events (P. Rizzo, cooperation with L. Altschmied).

We also aim to understand the **epigenetic control** of apomixis in various *Boechera* species. We have cloned several epigenetic loci that show heterochronic gene expression in apomictic and sexual accessions (P. Rizzo, cooperation with A.J. Johnston, Heidelberg). The data are anticipated to extend our knowledge on **sexual and apomictic reproductive development**.

Another approach concerns the identification of regulatory networks that control gametophytic development. Based on egg cell specific genes of wheat, we characterise a class of **gametophytic transcription regulators**, the RKD factors, of *Arabidopsis* (D. Köszegi, F. Tedeschi). The plant-specific occurrence, egg-cell specific expression, the mis-expression phenotype and evolutionary conservation identify RKD factors as key regulators of female gamete identity. Ectopic expression of RKD genes causes the reprogramming of sporophytic cells to adopt aspects of egg cell identity. In total we have isolated and characterised 12 T-DNA insertion alleles and one tilling allele of all five RKD genes. An approach to isolate additional alleles using the TALEN technique (cooperation with M. Reschke, J. Boch, Halle) has been tried and is still in progress. Due to functional redundancy we have used selected alleles to generate various double mutant combinations. Interestingly, these mutants exhibit heterochronic shifts in gametophyte developmental as well as arrest at the stage of the functional megaspore. The mutants are analysed based on gametophytic marker lines specifying the functional megaspore, central cell, synergids and egg cell.

We have progressed in the functional characterisation of a novel family of transcription factors, EFFECTOR OF TRANSCRIPTION (ET). ET factors function as regulators of other **transcription factors** and participate in the control of cell differentiation, including processes during plant reproduction (L.H. Diep, Bui Thi Mai Huong; see Fig. 31, p. 101). We have isolated and analysed in total 5 T-DNA insertion alleles for the three genes in the *Arabidopsis* genome. Preliminary results (flowering time, flower morphology) indicate a putative function of ET factors as epigenetic regulators. This is further supported by changes in DNA methylation patterns in the *et1-1* mutant (cooperation with M. Kuhlmann).

We have contributed to the analysis of drought stress responsive genes by providing mutant alleles of the BURP genes USPL1 and RD22 (cooperation with M. Kuhlmann). The data show that both genes act as suppressors in the ABA mediated drought response of *Arabidopsis*.



**Fig. 31**  
Homoeotic transformation of anthers into ovule-like structures in the *et2-1* mutant of *Arabidopsis* suggesting the repression of the B-function (AP3/PI) in flower organ determination (Bui Thi Mai Huong, T. Ruttner).

We preliminarily concluded work on deep sequencing of isolated microspores to identify candidate genes involved in the control of reprogramming events during pollen embryogenesis (A. Czihal, cooperation with J. Kumlehn). We also concluded work on the regulation of gene expression during late embryogenesis concerning the characterisation of the ABI3 regulon as well as of target genes of LEC1. We concluded work - coordinated by A.J. Johnston - on the characterisation of a plant homologue of the mammalian tumour and cell cycle suppressor RETINOBLASTOMA (pRB) involved in the control of cell fate of gametes. This work will be continued in the group of A.J. Johnston at Heidelberg University.

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- IVANOV, R., J. TIEDEMANN, A. CZIHAL & H. BÄUMLEIN: Transcriptional regulator AtET2 is required for the induction of dormancy during late seed development. *J. Plant Physiol.* 169 (2012) 501-508.
- JUNKER, A. & H. BÄUMLEIN: Multifunctionality of the LEC1 transcription factor during plant development. *Plant Signal. Behav.* 7 (2012) 1718-1720.
- JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of LEAFY COTYLEDON1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 71 (2012) 427-442.
- MÖNKE, G., M. SEIFERT, J. KEILWAGEN, M. MOHR, I. GROSSE, U. HÄHNEL, A. JUNKER, B. WEISSHAAR, U. CONRAD, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Towards the identification and regulation of the *Arabidopsis thaliana* ABI3-regulon. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) 8240-8254.

## Research Group: Phytoantibodies

Head: Dr. Udo Conrad

### Scientists

#### IPK financed

Baudisch, Bianca, Dr. (since 01.10.2012)

Hauptmann, Valeska (0,50, 01.03.-30.06.2012; 01.05.-31.12.2013)

Hoang, Phan Trong, Dr. (0,50/1,00, 01.03.2012-31.03.2013; 0,50, since 19.08.2013)

Mönke, Gudrun, Dr. (till 29.02.2012)

#### Grant Positions

Hauptmann, Valeska (0,50 BMBF, 01.07.2012-30.04.2013)

Saalbach, Isolde, Dr. (0,32 BMBF, since 01.11.2013)

Weichert, Nicola, Dr. (BMBF)

#### Visiting Scientists/Scholars

Hoang, Phan Trong, Dr. (DLR, till 29.02.2012; self-financed, 01.06.-18.08.2013)

Hofbauer, Anna (Biotop Wien-BOKU, 04.11.-14.12.2012)

Mönke, Gudrun, Dr. (self-financed, 01.03.-30.09.2012)

### Goals

Production of recombinant fiber proteins and recombinant vaccines in transgenic plants, tissue- and development-specific immunomodulation of phytohormone functions in transgenic plants and molecular analysis of seed development by chromatin IP method for the molecular analysis of seed development.

### Research Report

Molecular Farming experiments were performed with **recombinant spider silk proteins** to develop **new materials for technical and medical purposes** in plants. A set of dragline silk protein (MaSpl, MaSpII) and flagelliform silk (FLAG) protein expression vectors containing 2-4 spider silk elements and 1 ELP has been stably expressed in transgenic tobacco and suitable purification methods have been developed and used for this proteins. Immunological studies in mice have been performed with synthetic spider silk proteins of different size and enhanced immunogenicity for higher sized variants has been shown (V. Hauptmann, N. Weichert). Transgenic plants were generated to produce ELPylated recombinant spider silk derivatives. These fusion proteins were purified by Inverse Transition Cycling (ITC) and enzymatically multimerized with transglutaminase *in vitro*. Layers produced by casting monomers and multimers were characterized using atomic force microscopy (AFM) and AFM-based nanoindentation. The layered **multimers** formed by mixing lysine- and glutamine-tagged monomers were **as-**

**sociated with the highest elastic penetration modulus** (N. Weichert, V. Hauptmann). Flagelliform spider silk-like protein expression vectors with seed-specific promoters have been designed, that caused intein-based trans-splicing in tobacco seeds. **Native-sized flagelliform silk multimers** of a molecular weight of more than 500 kDa have been produced in seeds (V. Hauptmann, N. Weichert).

The capacity of fusion protein strategies to enhance expression was explored in tobacco leaves and seeds. C-terminal fusion of **elastin-like polypeptides (ELP)** to hemagglutinin under the control of either the constitutive CaMV 35S or the seed-specific USP promoter resulted in **increased accumulation** in both leaves and **seeds** compared to the unfused hemagglutinin. The addition of a hydrophobin to the C-terminal end of hemagglutinin did not significantly increase the expression level. We showed that, depending on the target protein, both hydrophobin fusion and ELPylation combined with endoplasmic reticulum (ER) targeting induced protein bodies in leaves as well as in seeds. The N-glycosylation pattern indicated that KDEL sequence-mediated retention of leaf-derived hemagglutinins and hemagglutinin-hydrophobin fusions were not completely retained in the ER. In contrast, hemagglutinin-ELP from leaves contained only the oligomannose form, suggesting complete ER retention. In seeds, ER retention seems to be nearly complete for all three constructs. An easy and scalable purification method for **ELPylated proteins** using **membrane-based inverse transition cycling** could be applied to both leaf- and **seed-expressed hemagglutinins** (Hoang Trong Phan).

The degradation of proteins by the 26S proteasome after polyubiquitinylation is one significant mode of intracellular degradation of proteins. The interaction with F-box proteins is a precondition for the transport of the proteins to the proteasome. Nanobody-F-box fusions will be used to specifically target selected proteins *via* the F-box-ASK interaction to the site of proteolysis. Transgenic tobacco lines accumulating GFP to different levels (TG<sub>0</sub> and TG<sub>1</sub>) have been produced and *in planta* analyses of nanobody-GFP interaction are underway. Different ASK proteins from plants have been produced and purified from *Escherichia coli*. Interaction studies with GFP-F-box fusion proteins are underway (B. Baudisch, U. Conrad).

ScFv antibodies against JEKYL have been produced by design of a lymphocyte-based scFv phage display library (native library) from immunized BALBc mice and 3 rounds of screening. A specific nanobody against interleukin 12 has been isolated from a semisynthetic nanobody phage display library. The optimization of this nanobody by randomizing the CDR1 and further screening is underway (U. Conrad).



## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of LEAFY COTYLEDON1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 71 (2012) 427-442.

MÖNKE, G., M. SEIFERT, J. KEILWAGEN, M. MOHR, I. GROSSE, U. HÄHNEL, A. JUNKER, B. WEISSHAAR, U. CONRAD, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Towards the identification and regulation of the *Arabidopsis thaliana* ABI3-regulon. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) 8240-8254.

#### 2013

HAUPTMANN, V., N. WEICHERT, M. MENZEL, D. KNOCH, N. PAEGE, J. SCHELLER, U. SPOHN, U. CONRAD & M. GILS: Native-sized spider silk proteins synthesized *in planta* via intein-based multimerization. *Transgenic Res.* 22 (2013) 369-377.

HAUPTMANN, V., N. WEICHERT, M. RAKHIMOVA & U. CONRAD: Spider silks from plants – a challenge to create native-sized spidroins. *Biotechnol. J.* 8 (2013) 1183-1192.

HEINZE, M., M. HERRE, C. MASSALSKI, I. HERMANN, U. CONRAD & W. ROOS: Signal transfer in the plant plasma membrane: phospholipase A<sub>2</sub> is regulated via an inhibitory G<sub>o</sub> protein and a cyclophilin. *Biochem. J.* 450 (2013) 497-509.

HOANG, P.T., D.M. FLOSS & U. CONRAD: Veterinary vaccines from transgenic plants: highlights of two decades of research and a promising example. *Curr. Pharm. Des.* 19 (2013) 5601-5611.

HOANG, P.T., J. POHL, D.M. FLOSS, F. RABENSTEIN, J. VEITS, B.T. LE, H.H. CHU, G. HAUSE, T. METTENLEITER & U. CONRAD: ELPylated hemagglutinins produced in tobacco plants induce potentially neutralizing antibodies against H5N1 viruses in mice. *Plant Biotechnol. J.* 11 (2013) 582-593.

### Books and Book Chapters

#### 2012

FLOSS, D.M. & U. CONRAD: Plant molecular pharming – veterinary applications. In: MEYERS, R.A. (Ed.): *Encyclopedia of Sustainability Science and Technology*, Vol. 11. Springer, New York (2012) 8073-8080.

#### 2013

FLOSS, D.M., U. CONRAD, S. ROSE-JOHN & J. SCHELLER: ELP fusion technology for biopharmaceuticals. In: SCHMIDT, S.R. (Ed.): *Fusion Protein Technologies for Biopharmaceuticals: Applications and Challenges*. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, New Jersey, USA (2013) 211-226.

## PhD and Diploma Theses

#### 2012

HOANG, P.T.: ELPylated avian flu vaccines from plants: Improvement of expression and development of a new purification strategy. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2012) 128 pp.

KNOPF, J.: Produktion, Reinigung und immunologische Charakterisierung von Vogelgrippe-Neuraminidaseantigenen aus transgenem Tabak. (Master Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2012) 86 pp. (Hochschulbetreuer aus dem IPK: Prof. G. Kunze, Dr. A. Houben).

NJO, D.: Expression and characterization of the TB antigen (Ag85B) hydrophobin fusion protein in tobacco (*Nicotiana benthamiana*) leaves. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Masterkurs für Pharmazeutische Biotechnologie, Halle/S. (2012) 76 pp.

PAEGE, N.: Produktion und Charakterisierung von ELP-Multimeren in Pflanzen. (Diploma Thesis) Technische Universität, Berlin (2012) 109 pp.

STAROSKE, N.: ABA-Immunmodulierung sich entwickelnder Gerschenkaryopsen. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2012) 147 pp.

#### 2013

SORGE, E.: Herstellung und Charakterisierung einer Komponente des Proteinabbauweges in Pflanzen. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 46 pp.

## Patents

#### 2012

GILS, M., U. CONRAD & TRAN TRONG HOANG: Methods of producing and purifying polymeric proteins in transgenic plants. EP 2518081, Veröffentlichung: 31.10.2012, IPK-Nr. 2011/07.

## Research Group: Plant Bioinformatics

Head: Prof. Falk Schreiber

### Scientists

#### IPK financed

Baghalian, Kambiz, Dr. (0,50, till 31.05.2012)  
 Grafahrend-Belau, Eva (0,50/0,25, since 01.06.2012)  
 Hartmann, Anja (0,50/0,75 Pakt für Forschung und Innovation/HH, 01.08.2012-31.12.2013)  
 Junker, Astrid, Dr. (0,50, 01.06.-31.10.2012)  
 Kamineni, Anuradha (0,50, 01.03.-31.05.2012)  
 Klapperstück, Matthias (0,50 Pakt für Forschung und Innovation/HH, 01.07.-31.12.2012)  
 Treutler, Hendrik (Pakt für Forschung und Innovation, till 31.08.2012)

#### Grant Positions

Czauderna, Tobias (BMBF, till 31.07.2012; since 01.01.2013; 0,50 Industry, 01.08.-31.12.2012)  
 Grafahrend-Belau, Eva, Dr. (0,50/0,75 BMBF, till 31.05.2012; 0,25 BMBF, since 15.06.2013; 0,25 EU since 01.09.2013)  
 Hartmann, Anja (BMBF, till 31.07.2012; 0,25 Industry, 15.06.-31.12.2013)  
 Junker, Astrid, Dr. (BMBF, till 31.05.2012)  
 Klapperstück, Matthias (1,00/0,50 Industry, till 30.06.2012; since 15.06.2013)  
 Vogt, Torsten (0,50 Industry, 01.11.2012-31.01.2013)

#### Visiting Scientists/Scholars

Baghalian, Kambiz, Dr. (self-financed, since 01.06.2012)  
 Klapperstück, Matthias (self-financed, 01.01.-14.06.2013)  
 Rohn, Hendrik (self-financed, till 30.11.2012)  
 Treutler, Hendrik (self-financed, 01.09.2012-31.07.2013)  
 Wybrow, Michael, Dr. (Australian Research Council, 17.09.-05.12.2012)

### Goals

Representing, analysing, and visualising biological networks and related data; visual analytics of multimodal biological data; modelling plant metabolism.

### Research Report

We developed novel methods for analysing, modelling, and exploring biological data and networks which have been implemented in our open-source system **VANTED** (M. Klapperstück, H. Rohn - [www.vanted.org](http://www.vanted.org)). VANTED has been used in several in-house and external collaborations, for example, investigating metabolism in *Hordeum vulgare*, *Arxula adenivorans* and *Brassica napus* to understand and improve metabolic processes (E. Grafahrend-Belau, A. Hartmann, A. Junker, M. Klapperstück

with research group Heterosis, research group Molecular Plant Nutrition, research group Systems Biology, research group Yeast Genetics, University Halle, Bayer CropSciences, and *Sun-gene*), analysing metabolic and regulatory networks to identify key processes and genes which correlate with high biomass production in *Zea mays* (T. Czauderna, E. Grafahrend-Belau, A. Hartmann with research group Bioinformatics and IT, Universities Erlangen-Nürnberg and Düsseldorf, and Metanomics), deriving pathway annotations for genes to investigate genomic information in *Hordeum vulgare* (H. Treutler with research group Bioinformatics and IT and research group Genome Diversity).

In addition, several new algorithms have been developed in extensions (add-ons) of VANTED. **Hive** (H. Rohn - [www.vanted.org/hive](http://www.vanted.org/hive)) integrates manyfold biological data types. Application examples include exploring image databases using networks, and investigating multimodal data of *Hordeum vulgare* (with research group Heterosis and research group Systems Biology). **SBGN-ED** (T. Czauderna - [www.sbgn-ed.org](http://www.sbgn-ed.org)) supports the Systems Biology Graphical Notation, a standard for representing biological networks and cellular processes and is used to represent biological knowledge in different projects. **NETS** (H. Treutler) integrates biological networks from various data sources based on a flexible identifier mapping. Experimental data can be mapped and analysed in related networks which is used, for example, to investigate differentially expressed genes in *Zea mays* and *Arabidopsis thaliana* (A. Hartmann, A. Junker, H. Treutler with research group Heterosis, research group Bioinformatics and IT, Universities Erlangen-Nürnberg and Düsseldorf). **FluxMap** (H. Rohn with research group Systems Biology - [www.vanted.org/fluxmap](http://www.vanted.org/fluxmap)) enables users to explore flux data such as comparing flux distributions for different experimental conditions. In addition, other modelling methods were added to build a comprehensive system biology modelling framework including **PetriNet** (A. Hartmann, K. Pucknat) to support different types of Petri nets and **Kinetic** (J. Griebbach, A. Hartmann) to provide ODE-based modelling. Initial applications include the analysis of central metabolism of *Hordeum vulgare* endosperm (A. Hartmann).

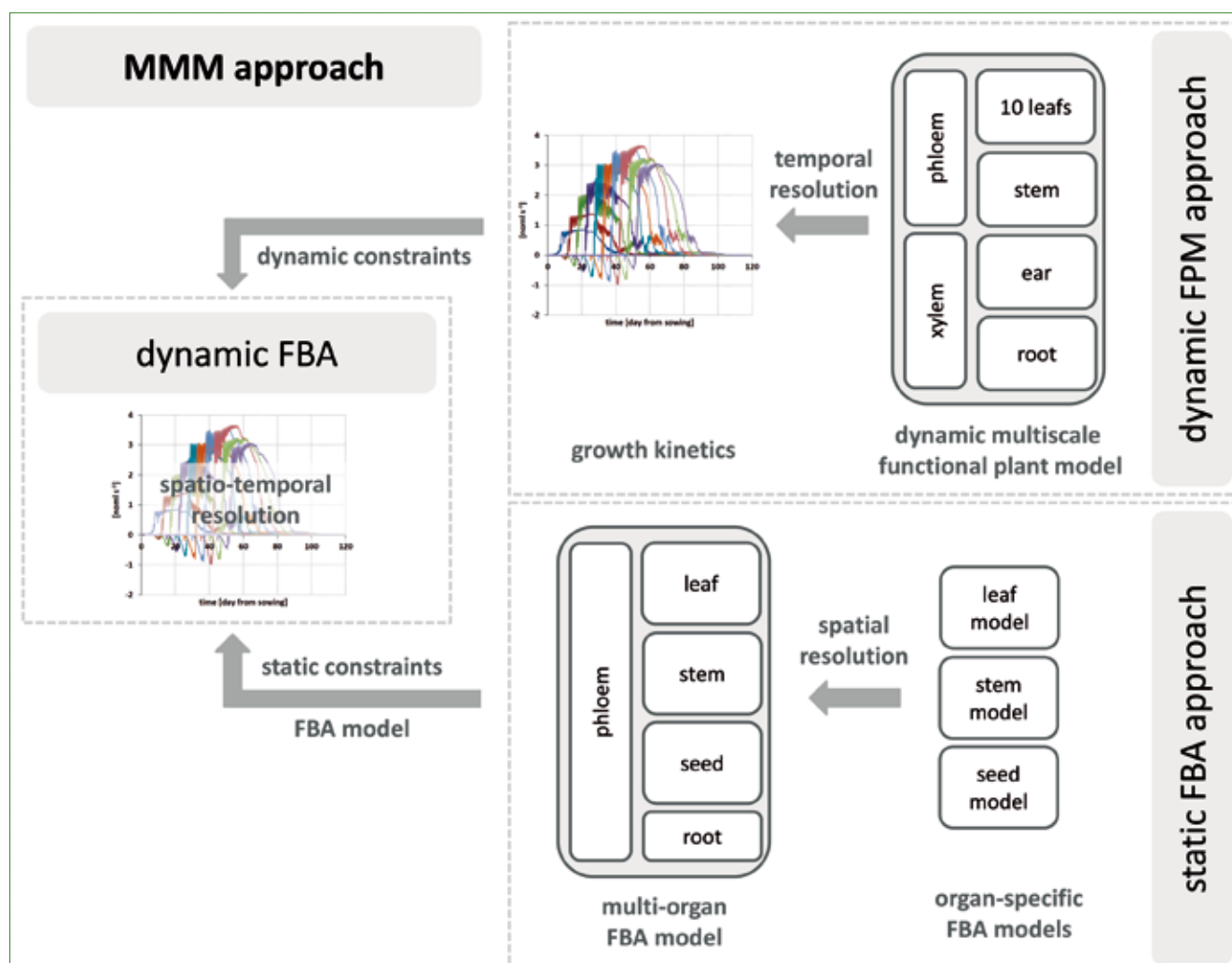
The development of the **MetaCrop** information system for metabolic pathway information has been continued (M. Klapperstück with research group Bioinformatics and IT and research group Systems Biology - [metacrop.ipk-gatersleben.de](http://metacrop.ipk-gatersleben.de)). Based on intensive surveys of scientific literature, MetaCrop now contains manually curated information about metabolic reactions and pathways of seven crop and two model plants (E. Grafahrend-Belau, A. Hartmann, A. Junker).

Information in MetaCrop is used for **stoichiometric models**, and several compartmented models have been developed and analysed, such as endosperm of *Hordeum vulgare*, embryo of *Medicago truncatula*, leaf and endosperm of *Zea mays*, seed of *Brassica napus*, and embryo of *Pisum sativum* (E. Grafahrend-

Belau, A. Hartmann, A. Junker with research group Heterosis, research group Systems Biology, and University Halle). The models provide frameworks for studying metabolism *in silico* with flux balance analysis and related methods and allow predicting flux distributions and optimal metabolic capabilities under different environmental conditions and genetic backgrounds. Mathematical methods and models for **multiscale modelling of metabolism (MMM)** combining different modelling approaches have been further developed with the aim of achieving a spatio-temporal resolution of complex metabolic processes of crop plant metabolism organized on a whole-plant scale (see Fig. 32). MMM integrates static organ-specific models (source leaf, sink/source stem, seed, root) with a whole-plant dynamic model. Allowing for a dynamic flux balance analysis on a whole-plant scale, the MMM approach was used to study source-sink interactions

during the generative phase of *Hordeum vulgare*, as well as the diurnal cycles of photosynthesis of the *Hordeum vulgare* leaf (A. Eschenröder, E. Grafahrend-Belau, A. Junker, with research group Systems Biology and research group Heterosis). The MMM platform provides the basis for future *in silico* analyses of metabolic and physiological mechanisms controlling carbon partitioning, thereby contributing to the identification and optimization of strategies for the improvement of yield formation in an important crop plant.

Standardisation methods in Systems Biology have been further developed in an international collaboration with various partners, including the **Systems Biology Graphical Notation (SBGN)**, where several tools and resources were developed in the group which will facilitate the use of SBGN for biologists such as SBGN-ED, MetaCrop SBGN-pathways, KEGG SBGN-pathways, SBGN bricks, and LibSBGN (T. Czauderna, A. Junker).



**Fig. 32** Workflow of the multiscale metabolic modeling (MMM) approach to analyse the dynamic metabolism of barley. The MMM approach integrates a static multi-organ FBA model and a dynamic FPM to perform dynamic FBA. As a result the spatio-temporal metabolic behavior of the multi-organ FBA model is predicted by computing a series of steady-state solutions constrained by dynamic constraints predicted by the FPM. FBA: flux balance analysis; FPM: multiscale functional whole-plant model; MMM: multiscale metabolic modeling (E. Grafahrend-Belau).

## Publications

## Peer Reviewed Papers

## 2012

- COLMSEE, C., M. MASCHER, T. CZAUDERNA, A. HARTMANN, U. SCHLÜTER, N. ZELLERHOFF, J. SCHMITZ, A. BRÄUTIGAM, T.R. PICK, P. ALTER, M. GAHRTZ, S. WITT, A.R. FERNIE, F. BÖRNKE, H. FAHNENSTICH, M. BUCHER, T. DRESSSELHAUS, A.P. WEBER, F. SCHREIBER, U. SCHOLZ & U. SONNEWALD: OPTIMAS-DW: A comprehensive transcriptomics, metabolomics, ionomics, proteomics and phenomics data resource for maize. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 245.
- GRÄSSLER, J., D. KOSCHÜTZKI & F. SCHREIBER: CentiLib: comprehensive analysis and exploration of network centralities. *Bioinformatics* 28 (2012) 1178-1179.
- HARTMANN, A., H. ROHN, K. PUCKNAT & F. SCHREIBER: Petri nets in VANTED: Simulation of barley seed metabolism. *Proc. 3<sup>rd</sup> Int. Workshop on Biological Processes & Petri Nets (BioPPN), CEUR Workshop Proc.* 852 (2012) 20-28.
- JUNKER, A. & H. BÄUMLEIN: Multifunctionality of the LEC1 transcription factor during plant development. *Plant Signal. Behav.* 7 (2012) 1718-1720.
- JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of LEAFY COTYLEDON1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 71 (2012) 427-442.
- JUNKER, A., H. ROHN, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS, A. HARTMANN & F. SCHREIBER: Creating interactive, web-based and data-enriched maps using the Systems Biology Graphical Notation. *Nature Protocols* 7 (2012) 579-593.
- JUNKER, A., H. ROHN & F. SCHREIBER: Visual analysis of transcriptome data in the context of anatomical structures and biological networks. *Front. Plant Sci.* 3 (2012) 252.
- JUNKER, A., A. SOROKIN, T. CZAUDERNA, F. SCHREIBER & A. MAZEIN: Wiring diagrams in biology: towards the standardized representation of biological information. *Trends Biotechnol.* 30 (2012) 555-557.
- JUSUFI, I., A. KERREN & F. SCHREIBER: Visualization of mappings between the gene ontology and cluster trees. *Proc. SPIE 8294, Visualization and Data Analysis 2012* (2012) 82940N.
- JUSUFI, I., C. KLUKAS, A. KERREN & F. SCHREIBER: Guiding the interactive exploration of metabolic pathway interconnections. *Information Visualization* 11 (2012) 136-150.
- KERREN, A. & F. SCHREIBER: Towards the role of interaction in visual analytics. *Proc. Winter Simulation Conference – WSC* (2012) 420 (421-413).
- LOTZ, K., F. SCHREIBER & R. WÜNSCHIERS: Nutrilizer: a tool for deciphering atomic stoichiometry of differentially expressed paralogous proteins. *J. Integr. Bioinform.* 9 (2012) 196.
- MASOUDI-NEJAD, A., F. SCHREIBER & Z.R. KASHANI: Building blocks of biological networks: a review on major network motif discovery algorithms. *IET Syst. Biol.* 6 (2012) 164-174.
- MEHLHORN, H., M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: IDPredictor: predict database links in biomedical database. *J. Integr. Bioinform.* 9 (2012) e190.
- MÖNKE, G., M. SEIFERT, J. KEILWAGEN, M. MOHR, I. GROSSE, U. HÄHNEL, A. JUNKER, B. WEISSHAAR, U. CONRAD, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Towards

the identification and regulation of the *Arabidopsis thaliana* ABI3-regulon. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) 8240-8254.

- ROHN, H., A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: FluxMap: A VANTED add-on for the visual exploration of flux distributions in biological networks. *BMC Syst. Biol.* 6 (2012) 33.
- ROHN, H., A. JUNKER, A. HARTMANN, E. GRAFAHREND-BELAU, H. TREUTLER, M. KLAPPERSTÜCK, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS & F. SCHREIBER: VANTED v2: a framework for systems biology applications. *BMC Syst. Biol.* 6 (2012) 139.
- SCHREIBER, F., C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, M. KLAPPERSTÜCK, U. SCHOLZ & S. WEISE: MetaCrop 2.0: managing and exploring information about crop plant metabolism. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) D1173-D1177.
- VAN IERSEL, M.P., A.C. VILLÉGER, T. CZAUDERNA, S.E. BOYD, F.T. BERGMANN, A. LUNA, E. DEMIR, A. SOROKIN, U. DOGRUSOZ, Y. MATSUOKA, A. FUNAHASHI, M.I. ALADJEM, H. MI, S.L. MOODIE, H. KITANO, N. LE NOVÈRE & F. SCHREIBER: Software support for SBGN maps: SBGN-ML and LibSBGN. *Bioinformatics* 28 (2012) 2016-2021.

## 2013

- ASGARI, Y., A. SALEHZADEH-YAZDI, F. SCHREIBER & A. MASOUDI-NEJAD: Controllability in cancer metabolic networks according to drug targets as driver nodes. *PLoS One* 8 (2013) e79397.
- BAKER, S.M., C.H. POSKAR, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: An improved constraint filtering technique for inferring hidden states and parameters of a biological model. *Bioinformatics* 29 (2013) 1052-1059.
- BÜCHEL, F., N. RODRIGUEZ, N. SWAINSTON, C. WRZODEK, T. CZAUDERNA, R. KELLER, F. MITTAG, M. SCHUBERT, M. GLONT, M. GOLEBIEWSKI, M. VAN IERSEL, S. KEATING, M. RALL, M. WYBROW, H. HERMIAKOB, M. HUCKA, D.B. KELL, W. MÜLLER, P. MENDES, A. ZELL, C. CHAOUYI, J. SAEZ-RODRIGUEZ, F. SCHREIBER, C. LAIBE, A. DRÄGER & N. LE NOVERE: Path2Models: large-scale generation of computational models from biochemical pathway maps. *BMC Syst. Biol.* 7 (2013) 116.
- COLMSEE, C., T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, M. LANGE, M. MASCHER, S. WEISE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: OPTIMAS-DW, MetaCrop and VANTED: a case study for data integration, curation and visualisation in life sciences. *Proc. ODLS, Lect. Notes Inform. (LNI) P-220* (2013) 455.
- CZAUDERNA, T., M. WYBROW, K. MARRIOTT & F. SCHREIBER: Conversion of KEGG metabolic pathways to SBGN maps including automatic layout. *BMC Bioinformatics* 14 (2013) 250.
- GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, A. ESCHENRÖDER, J. MÜLLER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Multiscale metabolic modeling: dynamic flux balance analysis on a whole plant scale. *Plant Physiol.* 163 (2013) 637-647.
- HOFSTÄDT, R., B. KORMEIER, M. LANGE, F. SCHREIBER, B. SOMMER & S. WEISE: Editorial. *J. Integr. Bioinform.* 10 (2013) e226.
- JUSUFI, I., A. KERREN & F. SCHREIBER: Exploring biological data: mappings between ontology- and cluster-based representations. *Inform. Visual.* 12 (2013) 291-307.
- MEHLHORN, H. & F. SCHREIBER: TransID – the flexible identifier mapping service. *Proc. Integrative Bioinformatics* (2013) 112-121.
- MÜLLER, J., A. ESCHENRÖDER, O. CHRISTEN, B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: ProNet-CN model: a dynamic and hierarchical process network

that couples photosynthesis, primary carbon metabolism and effects of leaf nitrogen status. Proc. 2012 IEEE 4<sup>th</sup> Int. Symp. Plant Growth Modeling, Simulation, Visualization and Applications – PMA (2013) 289-296.

VOGT, T., T. CZAUDERNA & F. SCHREIBER: Translation of SBGN maps: Process description to activity flow. BMC Syst. Biol. 7 (2013) 115.

### Books and Book Chapters

#### 2012

GRAFFAHREND-BELAU, E., B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: Plant metabolic pathways: Database and pipeline for stoichiometric analysis. In: AGRAWAL, G.K. & R. RAKWAL (Eds.): Seed development: omics technologies toward improvement of seed quality and crop yield. Springer, Dordrecht, The Netherlands (2012) 345-366.

JUNKER, A. & B.H. JUNKER: Synthetic gene networks in plant systems. In: WEBER, W. & M. FUSSENEGGER (Eds.): Synthetic gene networks: Methods and Protocols. Meth. Mol. Biol. 813. Humana Press, New York (2012) 343-358.

KRACH, C., E. GRAFFAHREND-BELAU, H. POSKAR, K. SCHALLAU, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Using systems approaches to analyze metabolic networks involved in storage reserve synthesis in developing seeds. In: AGRAWAL, G.K. & R. RAKWAL (Eds.): Seed development: omics technologies toward improvement of seed quality and crop yield. Springer, Dordrecht, The Netherlands (2012) 387-406.

#### 2013

BACHMAIER, C., U. BRANDES & F. SCHREIBER: Biological networks. In: TAMASSIA, R. (Ed.): Handbook of Graph Drawing and Visualization. Chapman & Hall/CRC Press (2013) 621-652.

MEHLHORN, H., M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: Extraction and prediction of biomedical database identifier using neural networks towards data network construction. In: ORDÓÑEZ DE PABLOS, P., M.D. LYTRAS, R. TENNYSON & J.E. LABRA GAYO (Eds.): Cases on Open-Linked Data and Semantic Web Applications. IGI Global, (2013) 58-83.

MEHLHORN, H. & F. SCHREIBER: Small-world property of networks. In: DUBITZKY, W., O. WOLKENHAUER, K.-H. CHO & H. YOKOTA (Eds.): Encyclopedia of Systems Biology. Springer Science+Business Media, LLC (2013) 1957-1959.

SCHREIBER, F., R. HOFESTÄDT, M. LANGE, U. SCHOLZ, T. CZAUDERNA, R. SCHNEE & S. WEISE (Eds.): Proceedings of the 9<sup>th</sup> International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013, 18.-20.03.2013. Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben (2013) 224 pp.

SCHREIBER, F. & N. LE NOVÈRE: Exchange formats for systems biology – SBGN. In: DUBITZKY, W., O. WOLKENHAUER, K.-H. CHO & H. YOKOTA (Eds.): Encyclopedia of Systems Biology. Springer Science+Business Media, LLC (2013) 1893-1895.

### Other Papers

#### 2012

MEHLHORN, H., M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER: IDPredictor: Predict database links in biomedical database. Proc. 8<sup>th</sup> Int. Symp. Integr. Bioinform. (IB2012), Zhejiang University, Hangzhou, China, April 2<sup>nd</sup> to 4<sup>th</sup> 2012 (2012) 135-148.

### PhD and Diploma Theses

#### 2012

AREND, D.: Konzeption und Implementierung einer Datenhaltungsinfrastruktur zur digitalen Langzeitarchivierung und dauerhaften Zitierbarkeit biologischer Primärdaten am Beispiel von "Next-Generation-Sequencing"-Daten. (Diploma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 121 pp.

BAKER, S.M.: A parameter estimation framework for kinetic models of biological systems. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 150 pp.

GRISCHAU, I.: Die Anwendung von magischen Linsen im Kontext metabolischer Netzwerke. (Diploma Thesis) Otto-von-Guericke Universität, Magdeburg (2012) 68 pp.

KUTZ, D.: Editorerstellung für VANTED am Beispiel von SBML. (Diploma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 114 pp.

MIRSCHHEL, S.: Interactive visualization of complex structures in modular models for systems biology. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 111 pp.

PUCKNAT, K.: Erweiterung der Software VANTED zum Editieren und Simulieren biologischer Petri-Netze. (Master Thesis) Hochschule Ostwestfalen-Lippe (2012) 77 pp.

ROHN, H.: Integrative Visualisierung multimodaler biologischer Experimentaldaten. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 119 pp.

#### 2013

Bull, F.: Visualization of next-generation sequencing data using Hilbert curves and their application to two species of *Leptotribulariaceae*. (Diploma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 96 pp.

Esch, M.: Effizienzsteigerung des Life-Science IR-Systems LAI-LAPS mittels Suchanfragenerweiterung. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 94 pp.

- GELLNER, M.: Evaluating the impact of genome quality on RNA-seq analysis. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 48 pp.
- GRAFAHREND-BELAU, E.: Rekonstruktion, Analyse und Visualisierung pflanzenbiologischer Stoffwechselprozesse. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftliche Fakultät III, Halle/S. (2013) 160 pp.
- Grüneisen, B.: Graphbasierte Visualisierung medizinischer Ontologie- & Gefäßdaten. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 110 pp.
- ULPINNIS, C.: Evaluation von Fehlerkorrektur-Algorithmen für Sequenzdaten in komplexen Pflanzengenomen. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 119 pp.

## Research Group: Data Inspection (till 31 December 2012)

Head: Dr. Swetlana Friedel

### Scientists

#### Grant Positions

Keilwagen, Jens (Saxony-Anhalt, till 30.06.2012)

Seifert, Michael, Dr. (Saxony-Anhalt, till 30.04.2012)

#### Visiting Scientists/Scholars

Seifert, Michael, Dr. (self-financed, 01.05.-31.12.2012)

### Goals

Processing, visualization and interpretation of high-dimensional biological data with modern machine learning methods.

### Research Report

The “Data inspection” (DI) research group financed by the Ministry of Culture of Saxony-Anhalt, XP 3624HP/0606T analysed a broad spectrum of high-throughput biological data sets. Our work began where very large and/or heterogeneous data cannot be processed any more using standard statistical methods. The DI group took a leading role in analyzing those sets with modern probabilistic modeling approaches in close cooperation with biological groups inside and outside of the IPK. In addition to advanced data analyses for different IPK groups, the main focus of the DI group was on the following areas: (1) **computational genome comparison**, (2) **motif discovery**, (3) **reverse engineering**, and (4) **data mining in the cereals collection** of the IPK Genebank.

(1) By combining the complementary strengths in epigenetics of Dr. V. Colot group (Institut de Biologie de l' Ecole Normale Supérieure, France) with machine learning techniques of our group the aim was to identify newly inserted transposable elements (TEs) . The huge data sets resulting from these experiments was analyzed with help of a new class of Hidden Markov Models developed by M. Seifert (<http://www.jstacs.de/index.php/PHHMM>) within the frame of a DAAD bilateral project.

(2) We developed the *de-novo* motif discovery tool Dispom (<http://www.jstacs.de/index.php/Dispom>) for finding differentially abundant transcription factor binding sites that models existing positional preferences of binding sites and adjusts the length of the motif in the learning process. J. Keilwagen in cooperation with colleagues from Martin Luther University Halle was able to show that the prediction performance of this tool is superior to existing tools for *de-novo* motif discovery. Finally, together with the group of I. Paponov from the Albert Ludwigs University of Freiburg the tool was applied for discovering binding sites enriched in promoters of auxin-responsive genes.

The genes were extracted from *Arabidopsis thaliana* microarray data, and a new motif was found that can be interpreted as an elongated auxin-responsive element. This result has been validated using an independent data set of auxin-responsive genes. The refined motif increased the auxin specificity by more than three orders of magnitude in genome-wide predictions compared to the canonical auxin-responsive element.

(3) With help of reverse engineering we reconstructed gene regulatory networks in *A. thaliana* under varying conditions for transcriptomic network comparison. For that we used modern information-theoretic approaches and integrated sequence analysis.

(4) Armed with a toolkit of modern probabilistic methods, we lately focused our research potential on the historical IPK Genebank collection of cereals since 1946. The collection is one of the most important genetic recourses of cereals for research and breeding. It contains a very large collection of barley and wheat accessions (~ 50.000) which we analyzed first.

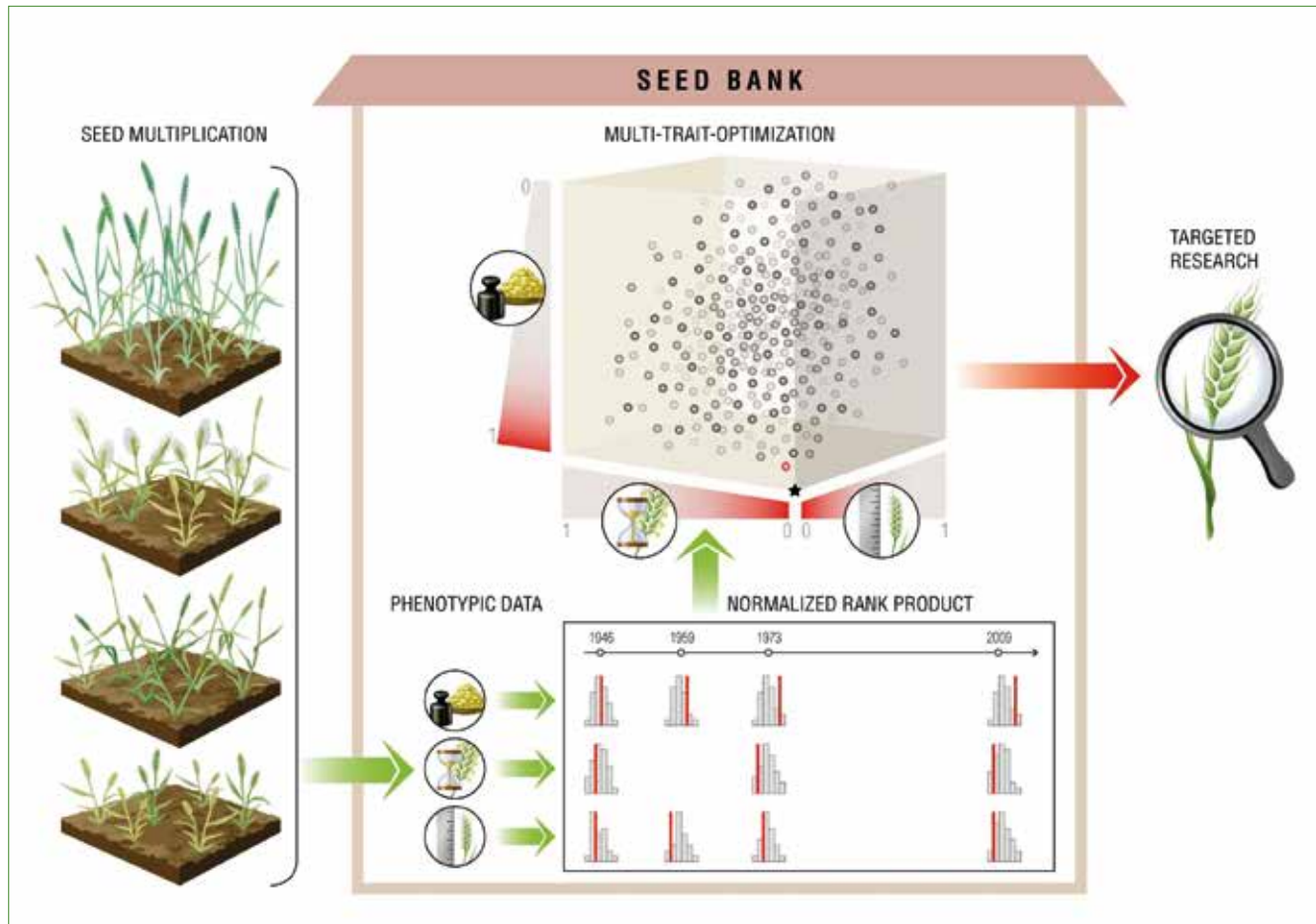
To overcome technical and climatic biases we developed a new statistical approach for ranking the accessions. With help of this method we now can, for example, identify an optimal barley accession for any desired traits. Based on such kind of analysis we defined groups of most contrasting accessions for an in depth analysis. This was done together with B. Kilian from the IPK Genebank group. We were able to prove in a breeding approach the usefulness of our methods on groups of contrasting barley accessions (see Fig. 33, p. 110). This would enable a more systematic and intelligent access to the plant genetic resources stored at the IPK Genebank for scientists and breeders world-wide.

### Publications

#### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- FRIEDEL, S., B. USADEL, N. VON WIRÉN & N. SREENIVASULU: Reverse engineering: a key component of systems biology to unravel global abiotic stress cross-talk. *Front. Plant Sci.* 3 (2012) 294.
- GRAU, J., J. KEILWAGEN, A. GOHR, B. HALDEMANN, S. POSCH & I. GROSSE: Jstacs: a Java framework for statistical analysis and classification of biological sequences. *J. Mach. Learn. Res.* 13 (2012) 1967-1971.
- JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of LEAFY COTYLEDON1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 71 (2012) 427-442.
- MEYER, R.C., H. WITUCKA-WALL, M. BECHER, A. BLACHA, A. BOUDICHEVSKAIA, P. DÖRMANN, O. FIEHN, S. FRIEDEL, M. VON KORFF, J. LISEC, M. MELZER, D. REPSILBER, R. SCHMIDT, M. SCHOLZ, J. SELBIG, L. WILLMITZER

**Fig. 33**

A novel strategy for valorizing genetic diversity stored in genebanks. Every year genebank curators select accessions for seed multiplication. These accessions are grown in field trials and their phenotypic observations are recorded during the growing period. Annual ranking of these data is the first step in normalized rank product analysis which allows comparing accessions that have been cultivated in different years and under different conditions. This example visualizes a wheat sample cultivated four times since 1946. The histograms indicate the distributions for all plant samples cultivated in a given year. Missing histograms indicate missing phenotypic observations. Based on normalized rank products, multi-trait optimization allows identifying plant samples with specific combinations of traits that can be utilized for targeted plant research and breeding. The black star and red point in the cube represent the best virtual and one real plant sample, respectively, that simultaneously have early flowering time, small plant height and high thousand grain weight. In the histograms of absolute trait values, the actual plant sample is indicated by red lines.

& T. ALTMANN: Heterosis manifestation during early *Arabidopsis* seedling development is characterized by intermediate gene expression and enhanced metabolic activity in the hybrids. *Plant J.* 71 (2012) 669-683.

MÖNKE, G., M. SEIFERT, J. KEILWAGEN, M. MOHR, I. GROSSE, U. HÄHNEL, A. JUNKER, B. WEISSHAAR, U. CONRAD, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Towards the identification and regulation of the *Arabidopsis thaliana* ABI3-regulon. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) 8240-8254.

SEIFERT, M., S. CORTUJO, M. COLOME-TATCHE, F. JOHANNES, F. ROUDIER & V. COLOT: MeDIP-HMM: Genome-wide identification of distinct DNA methylation states from high-density tiling arrays. *Bioinformatics* 28 (2012) 2930-2939.

SEIFERT, M., A. GOHR, M. STRICKERT & I. GROSSE: Parsimonious higher-order hidden Markov Models for improved Array-CGH analysis with applications to *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Comput. Biol.* 8 (2012) e1002286.

THIEL, J., D. RIEWE, T. RUTTEN, M. MELZER, S. FRIEDEL, F. BOLLENBECK, W. WESCHKE & H. WEBER: Differentiation of endosperm transfer cells of barley – a comprehensive analysis at the micro-scale. *Plant J.* 71 (2012) 639-655.

## 2013

AGHAEPOUR, N., G. FINAK, H. HOOS, T.R. MOSMANN, R.R. BRINKMAN, R. GOTTARDO, R.H. SCHEUERMANN, D. DOUGALL, A.H. KHODABAKHSHI, P. MAH, G. OBERMOSER, J. SPIDLEN, I. TAYLOR, S.A. WUENSCH, J. BRAMSON, C. EAVES, A.P. WENG, E.S. FORTUNO III, K. HO, T.R. KOLLMANN, W. ROGERS, S. DE ROSA, B. DALAI, A. AZAD, A. POTHEN, A. BRANDES, H. BRETSCHEIDER, R. BRUGGNER, R. FINCK, R. JIA, N. ZIMMERMAN, M. LINDERMAN, D. DILL, G. NOLAN, C. CHAN, F.E. KHETTABI, K. O'NEILL, M. CHIKINA, Y. GE, S. SEALFON, I. SUGÁR, A. GUPTA, P. SHOOSHARI, H. ZARE, P.L. DE JAGER, M. JIANG, J. KEILWAGEN, J.M. MAISOG, G. LUTA, A.A. BARBO, P. MÁJEK, J. VILČEK, T. MANNINEN, H. HUTTUNEN, P. RUUSUVUORI, M. NYKTER, G.J. MCLACHLAN, K. WANG, I. NAIM, G. SHARMA, R. NIKOLIC, S. PYNE, Y. QIAN, P. QIU, J. QUINN, A. ROTH, P. MEYER, G. STOLOVITZKY, J. SAEZ-RODRIGUEZ, R. NOREL, M. BHATTACHARJEE, M. BIEHL, P. BUCHER, K. BUNTE, B. DI CAMILLO, F. SAMBO, T. SANAVIA, E. TRIFOGLIO, G. TOFFOLO, S.D. SLAVICA DIMITRIEVA, R. DREOS, G. AMBROSINI, J. GRAU, I. GROSSE, S. POSCH, N. GUEx, M. KURSA, W. RUDNICKI, B. LIU, M. MAIENSCHNEICLINE, P. SCHNEIDER, M. SEIFERT, M. STRICKERT & J.M.G. VILAR: Critical assessment of automated flow cytometry data analysis techniques. *Nat. Methods* 10 (2013) 228-238.



- ALIYU, O.M., M. SEIFERT, J.M. CORRAL, J. FUCHS & T.F. SHARBEL: Copy number variation in transcriptionally active regions of sexual and apomictic *Boechera* demonstrates independently-derived apomictic lineages. *Plant Cell* 25 (2013) 3808-3823.
- GRAU, J., J. KEILWAGEN, A. GOHR, I.A. PAPONOV, S. POSCH, M. SEIFERT, M. STRICKERT & I. GROSSE: DISPOM: a discriminative de-novo motif discovery tool based on the JSTACS library. *J. Bioinform. Comput. Biol.* 11 (2013) 1340006 (20 pages).
- GRAU, J., S. POSCH, I. GROSSE & J. KEILWAGEN: A general approach for discriminative *de novo* motif discovery from high-throughput data. *Nucleic Acids Res.* 41 (2013) e197.
- GRUBER, B.D., R.F.H. GIEHL, S. FRIEDEL & N. VON WIRÉN: Plasticity of the Arabidopsis root system under nutrient deficiencies. *Plant Physiol.* 163 (2013) 161-179.
- LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.
- MASCHER, M., I. SCHUBERT, U. SCHOLZ & S. FRIEDEL: Patterns of nucleotide asymmetries in plant and animal genomes. *BioSystems* 111 (2013) 181-189.
- WEIRAUCH, M.T., A. COTE, R. NOREL, M. ANNALA, Y. ZHAO, T.R. RILEY, J. SAEZ-RODRIGUEZ, T. COKELAER, A. VEDENKO, S. TALUKDER, H.J. BUSSEMAKER, M.D. QUAID, M.L. BULYK, G. STOLOVITZKY, T.R. HUGHES, P. AGIUS, A. ARVEY, P. BUCHER, C.G. CALLAN JR., C.W. CHANG, C.-Y. CHEN, Y.-S. CHEN, Y.-W. CHU, J. GRAU, I. GROSSE, V. JAGANNATHAN, J. KEILWAGEN, S.M. KIEBASA, J.B. KINNEY, H. KLEIN, M.B. KURSA, H. LÄHDESMÄKI, K. LAURILA, C. LEI, C. LESLIE, C. LINHART, A. MURUGAN, A. MYŠÍČKOVÁ, W.S. NOBLE, M. NYKTER, Y. ORENSTEIN, S. POSCH, J. RUAN, W.R. RUDNICKI, C.D. SCHMID, R. SHAMIR, W.-K. SUNG, M. VINGRON & Z. ZHANG: Evaluation of methods for modeling transcription factor sequence specificity. *Nat. Biotechnol.* 31 (2013) 126-134.

## **Books and Book Chapters**

### **2012**

- KILIAN, B., H. ÖZKAN, S. SHAAF, S. HÜBNER, R.K. PASAM, R. SHARMA, K. NEUMANN, W. WEISSGERBER, F.A. KONOVALOV, J. KEILWAGEN, S. FRIEDEL, H. KNÜPFER, M. VON KORFF, G. COUPLAND & A. GRANER: Comparing genetic diversity within a crop and its wild progenitor: a case study for barley. In: MAXTED, N., M.E. DULLOO, B.V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J.M. IRIONDO & M.A.A. PINHEIRO DE CARVALHO (Eds.): *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CABI Publishing, Wallingford (2012) 186-192.

## Research Group: Hybrid Wheat (till 31 December 2013)

Head: Dr. Mario Gils

### Scientists

#### Grant Positions

Kempe, Katja, Dr. (BMBF)

Rubtsova, Myroslava, Dr. (BMBF)

### Goals

Establishment of an efficient pollination control system for hybrid wheat breeding based on a transgenic "Split Gene System".

### Research Report

#### The "Split Gene System" for hybrid wheat production

Male sterility is constituted by a *barnase* gene (ribonuclease derived from *Bacillus amyloliquefaciens*) that is expressed in tapetum causing pollen ablation. In order to be able to reverse the male sterile phenotype in wheat after the hybrid cross, the *barnase* gene is split into separated complementary fragments and positioned at isoallelic positions (Fig. 34 a, p. 113). The positioning is implemented by transforming a precursor vector ("pro-vector") harbouring the two tapetum-expressed *barnase* gene fragments and the subsequent site-specific deletion at the transferred DNA during plant development. For this purpose, the pro-vectors harbour recognition sites for a **site-specific recombinase** (phiC31 integrase). The site-specific deletion reactions result in the production of two alternative derivative loci, with each producing inactive barnase precursor peptides. Crossing of plants that carry the respective complementary loci with each other leads to progeny plants harbouring the two barnase gene fragments in allelic positions. These plants are male-sterile and can be used as the female crossing partners for the production of hybrid seed. The T1 hybrids are **fertile** as the barnase gene fragments segregate in the progeny.

For the maintenance of the female crossing partner, the heterozygous male sterile plant can be crossed to a homozygous line. The *barnase* gene fragments conferring male sterility can be linked to an herbicide tolerance gene. Thus, the heterozygous plants (females) can be selected by applying an herbicide. The system allows for **mixed breeding** of father and mother lines. In order to increase the stability of the "split barnase protein complex", the *barnase* gene fragments were fused to **intein** sequences that, upon translation, covalently fuse the protein

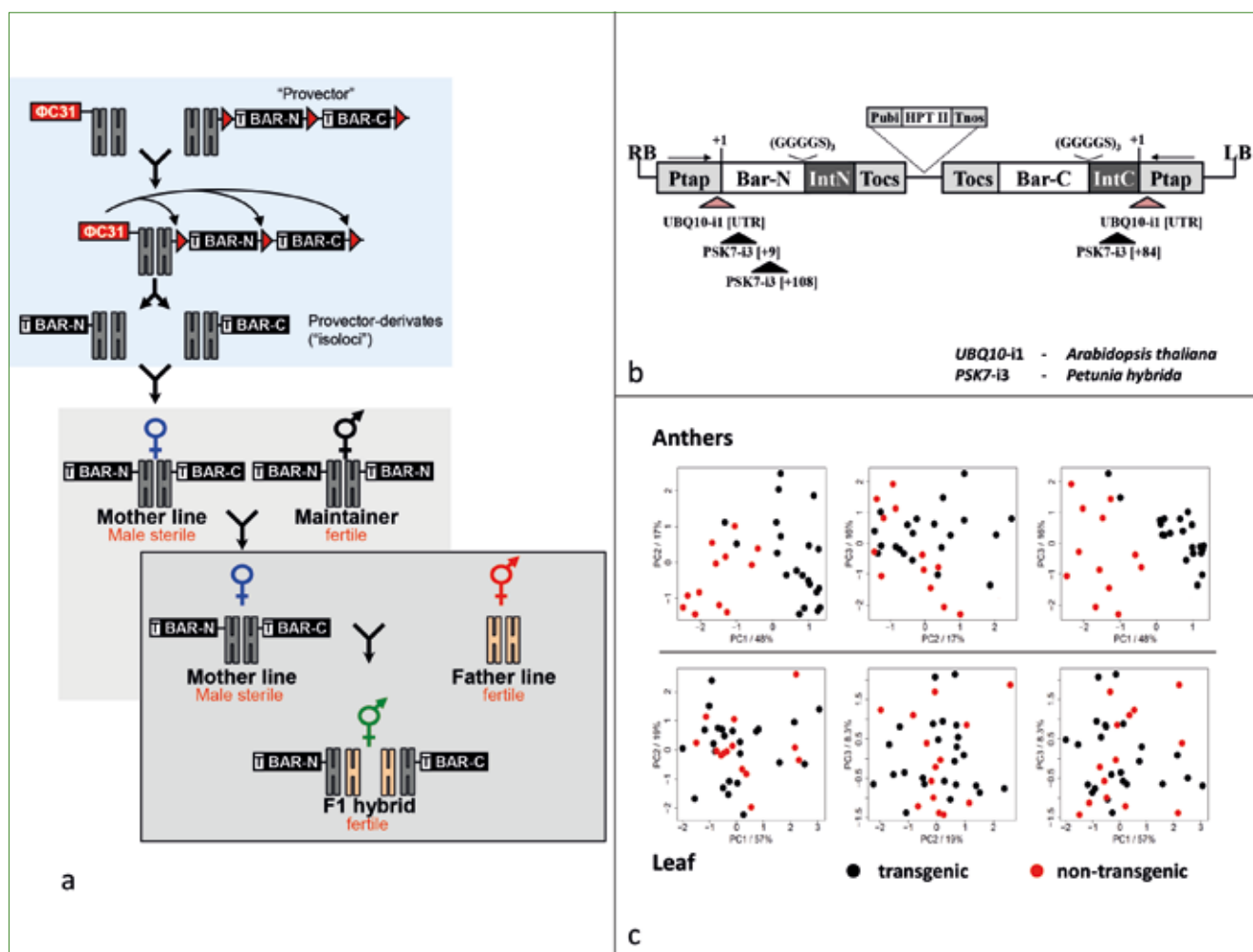
fragments autocatalytically in a process called intein-mediated protein splicing. The transformed pro-vector constructs were shown to enable the production of male-sterile wheat lines by *in planta* assembly of the barnase protein fragments (M. Gils, K. Kempe, M. Rubtsova). Male-sterility was found to be stable over several generations and under increased temperatures, without compromising female fertility. In order to achieve the positioning of the *barnase* gene fragments to allelic positions, the split gene system requires functional **single-copy** integrations of the pro-locus. For this purpose, the expression of the split barnase fragments and the functionality of the intein system were improved by modifying the basal pro-vectors (M. Gils, Fig. 34 b). A favourable effect resulted from the introduction of multiple GGGGS peptide linkers. In addition, the insertion of introns for **intron-mediated enhancement (IME)** of gene expression led to a significant improvement of the split-barnase system (K. Kempe, M. Rubtsova, M. Gils). Three different introns (from *Petunia hybrida* and *Arabidopsis thaliana*) were inserted into different positions of the C- and N-terminal coding regions and combined in a series of pro-vectors. As revealed from the transformation of 14 pro-vectors into approximately 3.000 primary transformants, we were able to efficiently generate male-sterile wheat plants with a single-copy insertion of the pro-locus. Such lines are the basis material for further system development.

#### Collaborative activities

The intein technology used for the split barnase approach was also employed for the production of spider silk protein multimerisation in transgenic tobacco plants within the framework of collaboration with the research group Phytoantibodies (U. Conrad).

A functional phiC31-based recombination system was established for barley in collaboration with the research group Plant Reproductive Biology (J. Kumlehn, E. Kapusi).

Analysis of the central metabolism of male-sterile transgenic plants and segregating non-transgenic plants revealed that the central metabolism of the transgenic plants was not altered in any tissue except the anthers (collaboration with the group Heterosis, D. Riewe). Thus, a proof of substantial equivalence could be delivered. Protocols for a more efficient production of doubled haploid wheat plants using a colchicine-free anther culture approach were developed in the frame of a collaborative effort with Saaten-Union Biotec GmbH, Gatersleben.



**Fig. 34**  
**a)** The split-gene approach for hybrid seed production. T, tapetum-specific promoter. **b)** Design of transformation vectors that are used for the production of male-sterile wheat plants. **c)** PCA analysis comparing the central metabolism of leaf and anther tissue isolated from male-sterile and segregating non-transgenic plants (M. Gils, K. Kempe, D. Riewe).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

KAPUSI, E., K. KEMPE, M. RUBTSOVA, J. KUMLEHN & M. GILS: phiC31 integrase-mediated site-specific recombination in barley. *PLoS One* 7 (2012) e45353.

#### 2013

GILS, M., K. KEMPE, A. BOUDICHEVSKAIA, R. JERCHEL, D. PESCIANSCHI, R. SCHMIDT, M. KIRCHHOFF & R. SCHACHSCHNEIDER: Quantitative assessment of wheat pollen shed by digital image analysis of trapped airborne pollen grains. *Adv. Crop Sci. Techn.* 2 (2013) 119.

HAUPTMANN, V., N. WEICHERT, M. MENZEL, D. KNOCH, N. PAEGE, J. SCHELLER, U. SPOHN, U. CONRAD & M. GILS: Native-sized spider silk proteins synthesized *in planta* via intein-based multimerization. *Transgenic Res.* 22 (2013) 369-377.

KEMPE, K., M. RUBTSOVA, D. RIEWE & M. GILS: The production of male-sterile wheat plants through split barnase expression is promoted by the insertion of introns and flexible peptide linkers. *Transgenic Res.* 22 (2013) 1089-1105.

RUBTSOVA, M., H. GNAD, M. MELZER, J. WEYEN & M. GILS: The auxins centrophenoxine and 2,4-D differ in their effects on non-directly induced chromosome doubling in anther culture of wheat (*T. aestivum* L.). *Plant Biotechnol. Rep.* 7 (2013) 247-255.

### Books and Book Chapters

#### 2012

GILS, M., M. RUBTSOVA & K. KEMPE: Split-transgene expression in wheat. In: DUNWELL, J.M. & A.C. WETTEN (Eds.): *Transgenic plants: Methods and Protocols* (Methods Mol. Biol. 847). Humana Press, c/o Springer Science+Business Media, LLC, New York (2012) 123-135.

## **Other Papers**

### **2013**

GILS, M., M. RUBTSOVA & K. KEMPE: Come together: Intein-mediated protein ligation in transgenic wheat. Proc. "Genetic Transformation Technologies (plants and animals) – Plant Genetics and Breeding Technologies – Plant Diseases and Resistance Mechanisms" Vienna. Medimond International Proceedings (2013) 27-32.

## **Patents**

### **2012**

GILS, M., U. CONRAD & TRAN TRONG HOANG: Methods of producing and purifying polymeric proteins in transgenic plants. EP 2518081, Veröffentlichung: 31.10.2012, IPK-Nr. 2011/07.

## Research Group: Image Analysis

Head: Dr. Christian Klukas

### Scientists

#### *IPK financed*

Entzian, Alexander (till 14.09.2013)

Pape, Jean-Michel (15.05.-14.09.2013)

#### *Grant Positions*

Chen, Dijun (0,50 BMBF, since 13.07.2012)

Dornfeldt, Stefanie (0,50 BMBF/DPPN, 15.05.2013-14.11.2013)

Pape, Jean-Michel (BMBF/DPPN, since 15.11.2013)

#### *Visiting Scientists/Scholars*

Pape, Jean-Michel (self-financed, 29.04.-14.05.2013)

### Goals

Establishment of proven and stable image analysis methods for processing high-throughput phenotyping data, the development of statistical approaches for post-processing of the image-derived data, and the integration of phenotypic data with other omics-domains.

### Research Report

The development of the first version of our **image analysis software IAP** (Integrated Analysis Platform) has been finished and is publicly available at <http://iap.ipk-gatersleben.de>. IAP is an powerful framework for phenotypic image analysis and contains a broad collection of user documents for several specific application tasks. The software is already used in several collaborations. Together with the Max Planck Institute Jena and with the group Heterosis, an approach for the detection of leaf and flower movements in tobacco plants is in development. For the Julius Kühn Institute in Groß Lüsewitz and other potential users we created an Add-On for IAP to load images from a customized imaging setup and to analyse photos of detached barley leaves to extract color- and geometric features. In collaboration with the group Pathogen Stress Genomics (Dept. Cytogenetics and Genome Analysis) approaches to process barley leaf images are in development. The goal is to identify and to quantify disease spots caused by powdery mildew (S. Dornfeldt, J.-M. Pape, D. Chen).

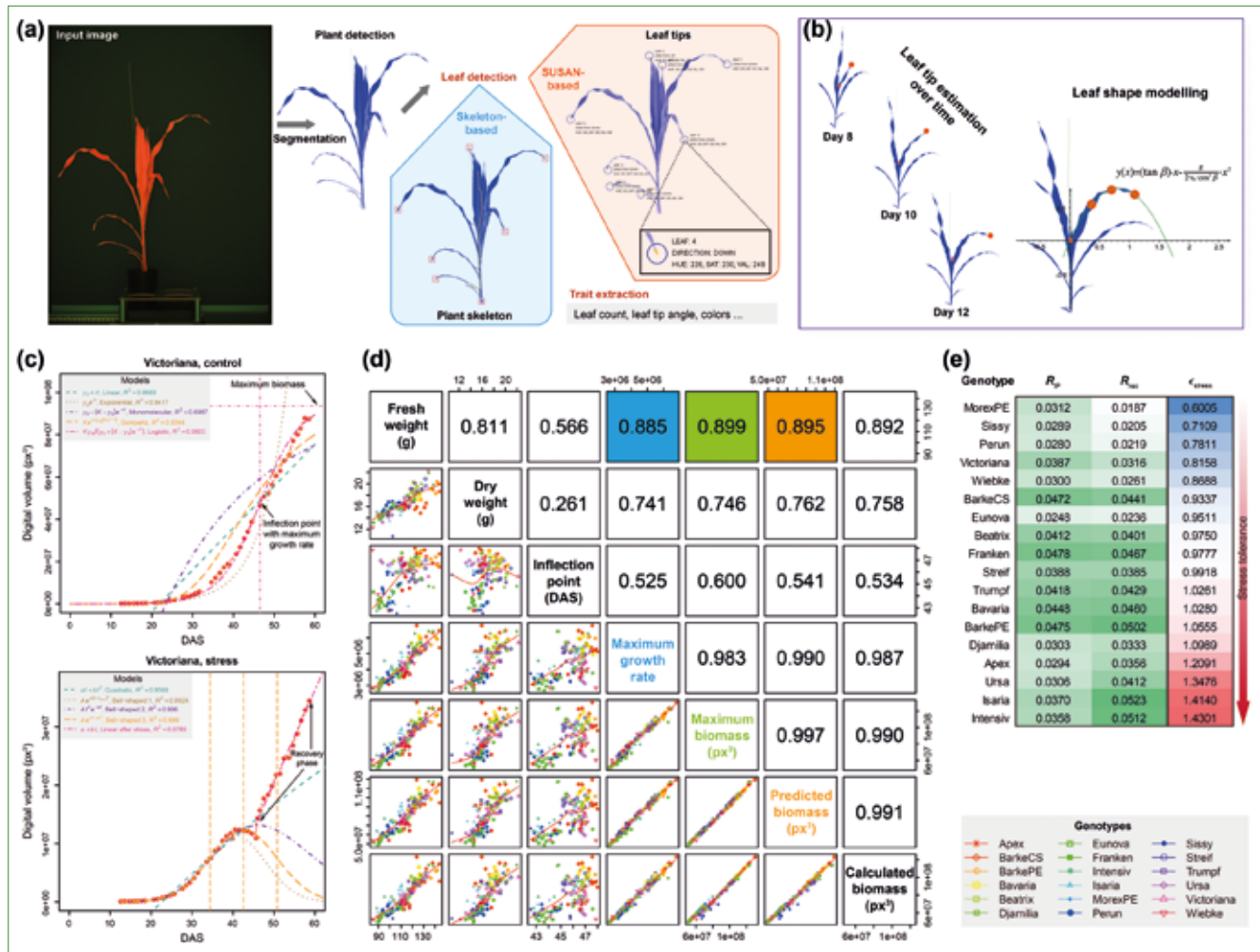
To improve the monitoring of our **high-throughput phenotyping** system, the development of a database for the tracking and visualization of carrier positions over time was started (M. Ulrich).

In the frame of the German Plant Phenotyping Network (DPPN), the development of an approach to detect new organ-specific traits has been started. Based on a corner detection algorithm, our system enables us to detect leaf-tips of maize plants (J.-M. Pape; Fig. 35 a and b, p. 116). Now we are able to extract multiple geometric and color-related features. Additionally, we improved our segmentation approach to classify plant images based on predefined color classes, using the *k*-means algorithm. In preparation of the DPPN root project, a combined analysis of root and shoot data was performed. Statistical approaches such as canonical correlation and PCA (principal component analysis) were used (D. Chen).

Within the European Plant Phenotyping Network (EPPN) and in collaboration with the partners from the Heterosis group, three test-experiments using artificial plants were performed. The common results were discussed within the consortium. To exchange datasets in a common format, the ISA-Tab framework for metadata tracking was adopted. In the future, our IAP software will incorporate this approved standard (D. Chen).

For the OPTIMAL project, several new phenotypic traits of maize plants can be detected. For example, a leaf-curling analysis based on the fast Fourier Transform (FFT) has been developed. This new approach allowed us to characterize the frequency and amplitude of the leaf curling. A new **post-processing pipeline** is used to interpret phenotypic datasets (D. Chen). The pipeline includes several well-established statistical approaches, such as PCA and ANOVA (analysis of variance). Working together with the Data Inspection group and the Genome Diversity group (Dept. Genebank), an approach to model plant growth was implemented (C. Klukas, D. Chen; Fig. 35 c-e). The post-processing pipeline not only works on high-throughput phenotyping datasets, but also works on field data. Based on the pipeline, manually measured phenotypic data from field and greenhouse were analysed in collaboration with the Plant Architecture group (Dept. Genebank).

In two collaboration projects with Prof. Chen from Zhejiang University, Hangzhou, China (supported by the Federal Office for Agriculture and Food and the Robert Bosch Stiftung), new extensions for our analysis framework IAP were implemented, to more flexibly support data transport and experiment storage (C. Klukas, D. Chen). It is now possible to store and jointly access numeric data such as metabolite-, protein- or gene-expression-datasets. In the same way it became possible to access binary data such as images from high-throughput experiments in user-defined storage locations. Supported data trans-



**Fig. 35** Detection and modelling of image-derived parameters (IAP) in crop plants.

(a) Detection of maize leaves with IAP. Two distinct methods were implemented to detect maize leaves: a skeleton-based method and the SUSAN corner detection algorithm. (b) Leaf shape modelling during plant growth. (c) Modelling of plant growth based on digital biomass. (d) Pairwise comparison of model-derived parameters, image-derived data and experimentally determined fresh weight or dry weight. (e) Comparison of plant growth between control and stress conditions.  $R_p$  represents the growth rate at the inflection point of control plants.  $R_{rec}$  denotes the recovered growth rate in recovery phase of stress plants.  $\epsilon_{stress}$  referred to "stress elasticity", is calculated as the ratio of  $R_{rec}$  and  $R_p$ . (Image created by J.-M. Pape and D. Chen).

fer protocols are FTP, SCP, HTTP, WebDAV, and more. Results are published on the joint project website <http://www.phenomics.cn>. This web-space is also used to store a diverse set of example datasets for demonstration and testing purposes (D. Chen). IAP has been furthermore extended to support program extensions by custom R-scripts, a programming language commonly used for statistical data analysis.

In a collaboration project with partners from the Plant Accelerator at the University of Adelaide, Australia (funded by the DAAD), comprehensive example phenotyping datasets were exchanged and analyzed using the IAP analysis software and the LemnaTec-based analysis pipelines from our partners (C. Klukas, D. Chen, A. Entzian). To make this possible, we made extensive adaptations to IAP, in order to support different phenotyping setups, including different server- and imaging-configurations. We matched the analysis results and created a mapping table to make the results comparable, so that in the future post-processing routines can be more easily adapted to the differing data formats (J.-M. Pape).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- JUNKER, A., H. ROHN, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS, A. HARTMANN & F. SCHREIBER: Creating interactive, web-based and data-enriched maps using the Systems Biology Graphical Notation. *Nature Protocols* 7 (2012) 579-593.
- JUSUFI, I., C. KLUKAS, A. KERREN & F. SCHREIBER: Guiding the interactive exploration of metabolic pathway interconnections. *Information Visualization* 11 (2012) 136-150.
- KLUKAS, C., J.-M. PAPE & A. ENTZIAN: Analysis of high-throughput plant image data with the information system IAP. *J. Integr. Bioinform.* 9 (2012) e191.
- ROHN, H., A. JUNKER, A. HARTMANN, E. GRAFAHREND-BELAU, H. TREUTLER, M. KLAPPERSTÜCK, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS & F. SCHREIBER: VANTED v2: a framework for systems biology applications. *BMC Syst. Biol.* 6 (2012) 139.

## **2013**

LU, X., D. CHEN, D. SHU, Z. ZHANG, W. WANG, C. KLUKAS, L.L. CHEN, Y. FAN, M. CHEN & C. ZHANG: The differential transcription network between embryo and endosperm in the early developing maize seed. *Plant Physiol.* 162 (2013) 440-455.

## **Other Papers**

## **2012**

NEUMANN, K., N. STEIN, A. GRANER, C. KLUKAS, A. ENTZIAN & B. KILIAN: Non-destructive phenotyping using the high-throughput LemnaTec-Scanalyzer 3D platform to investigate drought tolerance in barley. Proceedings of the 15<sup>th</sup> International EWAC Conference, 07.-11.11.2011, Novi Sad/Serbia, European Cereals Genetics Co-operative Newsletter (2012) 158-160.

## **Additional Publications 2011**

PAPE, J.-M.: Automatische Erkennung und Quantifizierung von phänotypischen Pflanzenmerkmalen und Strukturen. (Bachelor Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Fakultät für Informatik, Magdeburg (2011) 67 pp.

**Research Group: Stress Genomics** (till 30.04.2013)**Abiotic Stress Genomics** (since 01.05.2013)

Head: Dr. Nese Sreenivasulu (till 31.03.2013)

Dr. Markus Kuhlmann (since 01.05.2013)

**Scientists***IPK financed*

Venkatasubbu, Thirulogachandar (0,50)

Polavarapu, Bihan Kavi Kishore, Dr. (0,50, 01.11.-29.12.2012)

*Grant Positions*

Govind, Geetha, Dr. (0,75 BMELV/BLE, till 30.06.2012; 15.10.-30.11.2012)

Harshavardhan, Vokkaliga Thammegowda (0,50/1,00 BMELV/ BLE)

Kalladan, Rajesh (0,50/1,00 Industry, till 31.12.2012)

Kuhlmann, Markus, Dr. (BMBF/DLR, 01.01.-31.03.2013; BMBF, 01.04.-30.04.2013)

Polavarapu, Bihan Kavi Kishore, Dr. (0,50 Industry, 24.07.-29.12.2012)

Seiler, Christiane, Dr. (0,75 BMBF/DLR, till 30.06.2013; 0,75 BMBF, since 01.07.2013)

Surdonja, Korana (0,50 BMBF, since 01.10.2012)

Wang, Hongwen (0,50 SAW-Pakt, since 15.10.2012)

*Visiting Scientists/Scholars*

Sreenivasulu, Nese, Dr. (self-financed, since 01.04.2013)

Govind, Geetha, Dr. (self-financed, 16.07.-30.09.2012)

Kalladan, Rajesh (self-financed, 01.01.-31.08.2013)

Strickert, Marc, Dr. (IPK, till 30.09.2012)

Palakolanu, Sudhakar Reddy, Dr. (Leibniz DAAD Scholarship, till 28.08.2012)

Reddy, Guda Maheedhara, Dr. (BMBF, 20.08.-15.11.2012)

Manish, Raorane, Dr. (IRRI, Philippines, 06.07.-15.12.2012)

Cordoba Jacoste, Javier (self-financed, 13.04.-15.07.2012)

**Goals**

We are investigating the molecular mechanisms of yield stability under terminal drought with focus on altered grain number and seed filling efficiency. The aim is to improve the plant performance to achieve stable yield under drought conditions.

**Research Report**

To understand the mechanisms of drought resistance, integrative genomics approaches were used to explore (a) natural genetic variation in barley by studying introgression line populations with wild barley accession donor, (b) mapping populations created from selected breeding lines of stay-green

and remobilization types and (c) transgenic plants with modified abscisic acid (ABA) homeostasis using drought-induced promoters active during the generative phase. The above said genetic material is used to understand mechanisms of spikelet fertility influencing grain number as well reaching enhanced yield stability and uncompromised seed quality during grain filling under drought stress.

For the investigation of the **drought stress response in the context of grain number** it is of importance to understand the mechanism controlling the development of spike architecture. The spike architecture (row phenotype) of barley is controlled by VRS1, an HD-ZIP I family transcription factor 1. *Vrs1* (*HvHox1*) is a paralog of *HvHox2* and both were generated by duplication of an ancestral gene. While the 2-rowed phenotype is associated with expression of a functional VRS1, in several 6-rowed barley accessions the expression of functional VRS1 is abolished. With the help of natural mutants and transgenic constructs we are analysing the different layers of molecular regulation that lead to a change in the fertility of the lateral floral meristems in barley. DNA methylation of the *HvHox1* promotor was identified after first indications from small RNA sequencing of barley. The DNA methylation in the *HvHox1* promotor region via RNA directed DNA methylation is indicative for transcriptional gene suppression. Utilising microarray technology for transcriptome analysis we identified downstream target genes that are differentially expressed in the lateral meristem (T. Venkatasubbu).

The phytohormone abscisic acid (ABA) is a central regulatory factor of the plant's response to drought stress. The comparative analysis of the "stay-green" versus "senescing" line reveals that high accumulation of ABA under long-term drought stress is negative for assimilate productivity. Once a plant fails to cope with long-term water stress, a final senescent response is mounted based on high ABA levels. The analysis of the two breeding lines of barley has been extended to transgenic plants that either overexpress *NCED6* or repress ABA hydroxylase gene (using a drought-induced promoter), leading to ABA flux alterations. Transgenic barley lines that overexpress *NCED6* (in an inducible manner) do show enhanced water use efficiency compared to wild type. The manipulation of ABA levels via a drought-induced promoter that drives expression of a key ABA biosynthetic gene positively coordinate assimilation and transpiration under drought stress due to differential ABA response of the lines to short- and long-duration stresses (V.T. Harshavardhan, C. Seiler).

The **identification of the regulatory factors** and structural genes **influencing malting quality** during seed germination from the seed pool grown under challenging environments



will remain an important strategy in the era of climate change. To attain high quality malt, besides the importance of defined parameters of malting process optimized during seed germination/micromalting, the seed quality parameters determined during seed filling are of foremost importance. By employing important genomic tools such as expression (e)QTL analysis, the underlying genetic factors and favourable alleles influencing grain yield/seed quality/malting quality will be identified using double haploid (DH) population generated from a cross of staygreen x remobilizing lines. Barley Infinium array (9K illumina platform) was employed to genotype doubled haploid (DH) population and to construct SNP-based linkage maps of the parental genomes. During 2012, 100 randomly selected DH lines were grown under field conditions at IPK with a rain shelter installed at anthesis to prevent natural rainfall. Drought stress was imposed at one week after anthesis by withholding water until maturity. Mature seeds were harvested and analyzed. Stress treatment led to reduction in yield in more than 50 % of the lines whereas Thousand Grain Weight (TGW) was not affected to the same level. Few lines show no reduction in yield under stress. The seed material was used for micro-malting. We aim at calculating QTLs for (a) yield stability, (b) grain quality, (c) malting quality, (d) genome-wide expression data to identify cis- and trans-effects for uncompromised seed quality and malting quality under drought and (e) assessing the efficiency of genomic selection for the above mentioned traits (K. Surdonja, C. Seiler in collaboration with research group Genome Diversity).

From the set of GM-plants with **altered ABA level** a particular subset showed the interesting phenotype of **increased tiller outgrowth** during vegetative growth phase (see Fig. 36). As this phenotype is strongly associated with increased yield it is of agro-economic importance. The molecular mechanism how the increased ABA level during that specific phase of growth is positively influencing the tiller outgrowth is under investigation (H. Wang, collaboration with N. von Wirén, M. Hajirezaei, research group Molecular Plant Nutrition).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- FRIEDEL, S., B. USADEL, N. VON WIRÉN & N. SREENIVASULU: Reverse engineering: a key component of systems biology to unravel global abiotic stress cross-talk. *Front. Plant Sci.* 3 (2012) 294.
- MIR, R.R., M. ZAMAN-ALLAH, N. SREENIVASULU, R. TRETOWAN & R.K. VARSHNEY: Integrated genomics, physiology and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. *Theor. Appl. Genet.* 125 (2012) 625-645.
- RADCHUK, V., J. KUMLEHN, T. RUTTEN, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. ROLLETSCHKE, C. HERRFURTH, I. FEUSSNER & L. BORISJUK: Fertility in barley flowers depends on *Jekyll* functions in male and female sporophytes. *New Phytol.* 194 (2012) 142-157.



**Fig. 36**  
Compared to control plants ('Golden Promise', left) the plants with increased content of abscisic acid (LOHi, right) show increased tiller outgrowth (H. Wang).

SREENIVASULU, N., V.T. HARSHAVARDHAN, G. GOVIND, C. SEILER & A. KOHLI: Contrapuntal role of ABA: Does it mediate stress tolerance or plant growth retardation under long-term drought stress? *Gene* 506 (2012) 265-273.

SREENIVASULU, N. & T. SCHNURBUSCH: A genetic playground for enhancing grain number in cereals. *Trends Plant Sci.* 17 (2012) 91-101.

#### 2013

- AMITEYE, S., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. KUHLMANN, M.F. METTE & T.F. SHARBEL: Novel microRNAs and microsatellite-like small RNAs in sexual and apomictic *Boechera* species. *MicroRNA* 2 (2013) 46-63.
- KALLADAN, R., S. WORCH, H. ROLLETSCHKE, V.T. HARSHAVARDHAN, L. KUNTZE, C. SEILER, N. SREENIVASULU & M.S. RÖDER: Identification of quantitative trait loci contributing to yield and seed quality parameters under terminal drought in barley advanced back-cross lines. *Mol. Breed.* 32 (2013) 71-99.
- KOPPOLU, R., N. ANWAR, S. SAKUMA, A. TAGIRI, U. LUNDQVIST, M. POURKHEIRANDISH, T. RUTTEN, C. SEILER, A. HIMMELBACH, R. ARİYADASA, H.M. YOUSSEF, N. STEIN, N. SREENIVASULU, T. KOMATSUDA & T. SCHNURBUSCH: *Six-rowed spike4 (Vrs4)* controls spikelet determinacy and row-type in barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (2013) 13198-13203.
- LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.
- MALIK, Z.A., G. HENSEL, J.A. QURESHI, S. MANSOOR, N. SREENIVASULU, J. KUMLEHN & N.A. SAEED: Improved agronomic and physiolo-

- gical performance of cultivar "Punjab-11"-derived transgenic wheat under drought stress. *Jokull J.* 63 (2013) 136-156.
- MAU, M., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. MELZER, J. FUCHS, M. KUHLMANN, N. DE STORME, D. GEELEN & T.F. SHARBEL: The conserved chimeric transcript *UPGRADE-2* is associated with unreduced pollen formation and is exclusively found in apomictic *Boecheera*. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1640-1659.
- SREENIVASULU, N. & U. WOBUS: Seed-development programs: a systems biology-based comparison between dicots and monocots. *Annu. Rev. Plant Biol.* 64 (2013) 189-217.

### **Books and Book Chapters**

#### **2013**

- REDDY, P.S. & N. SREENIVASULU: Different omics approaches in cereals and their possible implications for developing a system biology approach to study the mechanism of abiotic stress tolerance. In: GUPTA, P.K. & R.K. VARSHNEY (Eds.): *Cereal Genomics II*. Springer, Dordrecht, The Netherlands (2013) 177-214.

### **Other Papers**

#### **2013**

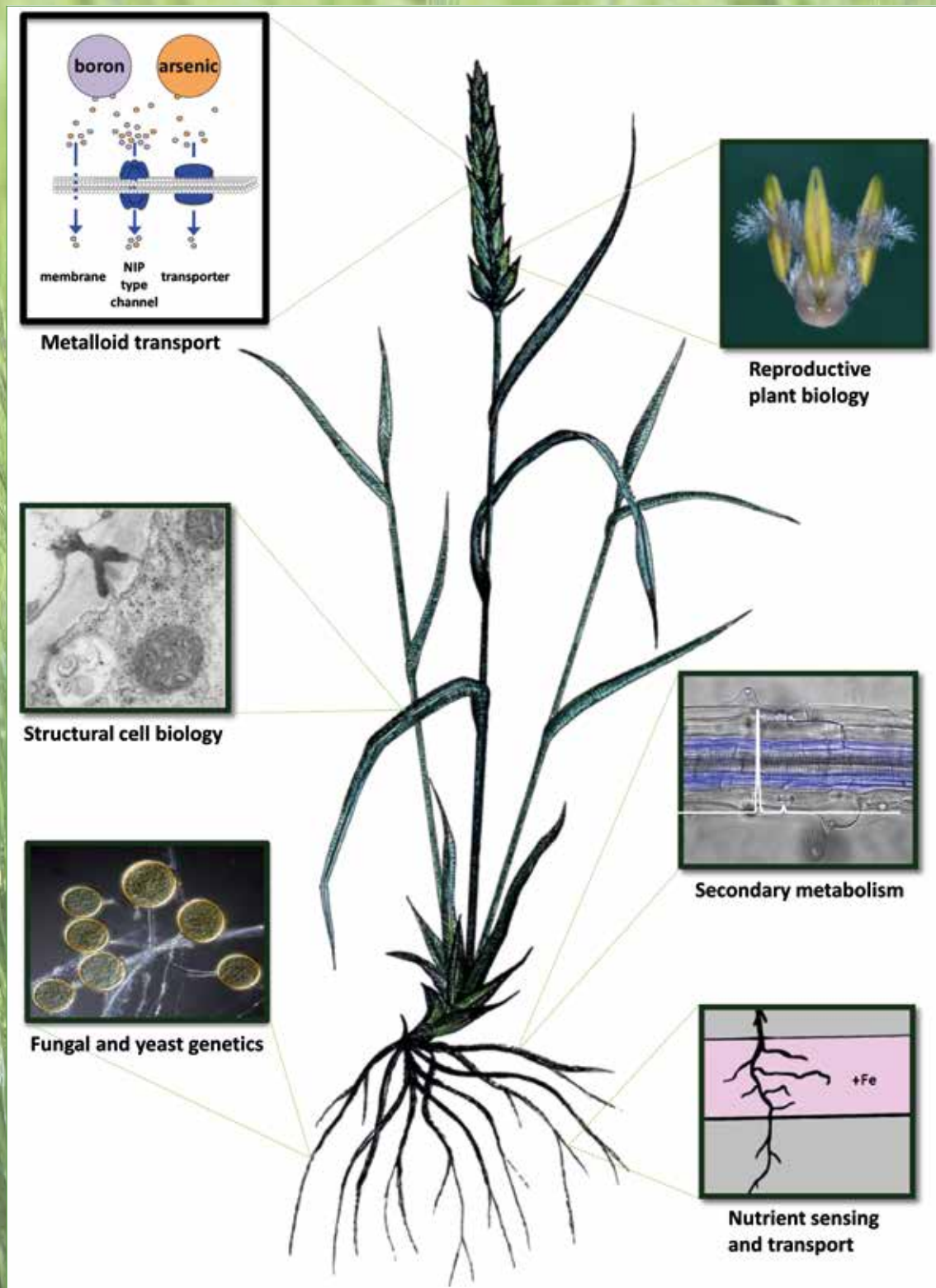
- KUHLMANN, M. & A. JUNKER (Eds.): *Barlomics –omic approaches in the barley field*. Abstractbook of the 1<sup>st</sup> IPK Summer School 2013. (2013) <http://www.ipk-gatersleben.de/index.php?id=1310>.

### **PhD and Diploma Theses**

#### **2013**

- HARSHAVARDHAN, V.T.: Altering ABA levels in leaf and seed tissue of barley to study the role of ABA on plant performance under post-anthesis drought stress using the transgenic approach. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 137 pp.
- KALLADAN, R.: Understanding terminal drought tolerance in barley using AB-QTL analysis and an integrated omics approach. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 150 pp.

# Abteilung Physiologie und Zellbiologie/ Department of Physiology and Cell Biology



**Abt. 37**  
Forschungsthemen in der Abteilung Physiologie und Zellbiologie (N. von Wirén, H.-P. Mock, M. Melzer, J. Kumlehn, G. Kunze, G.P. Bienert).

**Fig. 37**  
Research topics in the Department of Physiology and Cell Biology (N. von Wirén, H.-P. Mock, M. Melzer, J. Kumlehn, G. Kunze, G.P. Bienert).

## Abteilung Physiologie und Zellbiologie

Leiter: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

### Allgemeine Forschungsziele

Aufklärung der Regulation von Stoffwechselvorgängen und Entwicklungsprozessen in Pflanzen und in mikrobiellen Expressionssystemen, mit dem vorrangigen Ziel agronomisch relevante Merkmale in Nutzpflanzen oder biotechnologische Verfahrensweisen zu verbessern.

### Entwicklung im Berichtszeitraum

In der Abteilung Physiologie und Zellbiologie (PZB) arbeiten vier Arbeitsgruppen mit einem vorwiegend biochemisch-physiologischen Methodenspektrum zum Metabolismus und Sensing von Pflanzennährstoffen (Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung und Arbeitsgruppe Metalloidtransport) sowie zur Regulation vom Primärstoffwechsel und der physiologischen Bedeutung von Sekundärmetaboliten unter Stress (Arbeitsgruppen Angewandte Biochemie und Systembiologie). Diese Arbeitsgruppen erweitern damit auch das Spektrum an physiologischen Merkmalen, die beim Screening genotypischer Unterschiede in verschiedenen Pflanzenarten auch in Projekten anderer Abteilungen aufgenommen werden. Drei weitere Arbeitsgruppen unserer Abteilung wenden vorwiegend Methoden aus der Entwicklungsbiologie, Biotechnologie und Zellbiologie an: Die Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie setzt licht- und elektronenmikroskopische Verfahren zur Strukturanalyse und der Visualisierung von Genprodukten in Pflanzengewebe ein, während die Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie Entwicklungsprozesse aufklärt, die mit der sexuellen und asexuellen Fortpflanzung assoziiert sind, und diese in die Verbesserung biotechnologischer Verfahren einbringt. Die Arbeitsgruppe Hefegenetik nutzt Hefen als Wirte für die Produktion rekombinanter Proteine, als Gendonor und Biokatalysator oder als mikrobielle Komponente für Biosensoren zur Analyse von Umweltparametern und für die Überwachung von Futter- und Nahrungsmitteln.

Nach der Berufung des Leiters der Arbeitsgruppe Systembiologie, Dr. Björn Junker, an die Universität Halle-Wittenberg, wurde diese Arbeitsgruppe im Jahr 2013 aufgelöst. Die Labore wurden von der Ag Metalloidtransport übernommen, die von Dr. Patrick Bienert geleitet und durch ein Emmy-Noether-Stipendium der DFG finanziert wird.

In den letzten beiden Jahren wurde die breite analytische und zellbiologische Plattform der Abteilung PZB weiter ausgebaut. Neben der vollständigen Etablierung einer kompletten Mineralstoffanalytik mit automatischem Probenverdau zur Elementanalyse über ICP-OES, Sektorfeld-ICP-MS oder Isotopenverhältnis-Massenspektrometrie (Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung) wurde die Konfokalmikroskopie durch ein Spinning-Disk-System zum Live-Cell-Imaging dynamischer zel-

## Department of Physiology and Cell Biology

Head: Prof. Nicolaus von Wirén

### Research Goals

The common aim in the department is the improvement of agronomically relevant traits in crops and of biotechnological applications by an improved adaptation and regulation of metabolic pathways and developmental processes in plants or in microbial expression systems.

### Developments in 2012 and 2013

In the Physiology and Cell Biology Department four groups mainly employ biochemical and physiological methods to investigate the metabolism and sensing of nutrients by plants (Molecular Plant Nutrition and Metalloid Transport groups) as well as the regulation of secondary metabolism and the physiological function of primary metabolites under stress (Applied Biochemistry and Systems Biology groups). Thereby, these groups enlarge the methodological scope of physiological traits, which are monitored in screening projects within and outside the department. The other three research groups primarily employ developmental, biotechnological and cell biological methods: the Structural Cell Biology group employs light and electron microscopy for structural analysis and visualisation of gene products in plant tissues, while the Plant Reproductive Biology group characterizes developmental processes which are associated with sexual or asexual reproduction for the improvement of biotechnological applications. The Yeast Genetics group employs different yeast strains as hosts for recombinant protein production, as gene donor and biocatalysts for new biotechnological products and as microbial components in biosensors for environmental monitoring and food or feed control.

After Dr. Björn Junker was offered a full professorship at the University of Halle-Wittenberg, the Systems Biology group moved out. The laboratories have now been adopted by the newly established Metalloid Transport group, which is headed by Dr. Patrick Bienert and financed by an Emmy-Noether fellowship of the DFG.

In the past two years the analytical and cell biological platforms in the department have been enlarged. Fully functional platforms now encompass mineral element analysis including automated sample digestion, ICP-OES, sector-field ICP-MS and isotope ratio-mass spectrometry (Molecular Plant Nutrition), a spinning-disc confocal laser scanning microscopy for live-cell imaging of dynamic cellular processes (Structural Cell Biology) and a MALDI-TOF system which is used for protein identification and MS-based imaging of metabolites and proteins (Applied Biochemistry). A UPLC-MS/MS-based platform for phytohormone analysis and a complementary LC-MS/MS for the analysis of primary metabolites have also been set up.

lulärer Prozesse ergänzt (Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie). Zur Proteinidentifizierung und zum MS-basierten Imaging von Metaboliten und Proteinen wurde ein MALDI-TOF-Gerät angeschafft (Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie). Des Weiteren wurde eine UPLC-MS/MS-basierte Plattform zur Bestimmung von Phytohormonen und eine komplementäre LC-MS/MS-Anlage zur Analyse von Primärmetaboliten etabliert (Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

Die breit angelegte Methodenplattform wurde auch zur Bearbeitung arbeitsgruppenübergreifender Projekte in der Abteilung eingesetzt. Dies betrifft unter anderem die Identifizierung von Gerstengenotypen und -genen zur Erhöhung der Salztoleranz, von Sekundärmetaboliten zur Verbesserung der Mineralstoffeffizienz und von Mechanismen zur Beeinflussung der Embryogenese.

Die Erweiterung von Feldversuchen insbesondere für Weizen, Raps und Zuckerrüben sowie die Anschaffung neuer Maschinen und Geräte aufgrund neuer Projekte mit Pflanzenzüchtern und der Düngemittelindustrie haben zudem zu einer substantziellen Erweiterung von Feldversuchsflächen geführt. Im Rahmen vom Deutschen Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk (DPPN), das von T. Altmann koordiniert wird, werden derzeit fahrbare Hyperspektralkameras zur automatisierten Phänotypisierung des Pflanzenernährungszustands etabliert.

Hervorzuheben sind folgende Entwicklungen, die durch Kooperationen innerhalb der Abteilung entstanden:

In einem arbeitsgruppenübergreifenden Projekt der Abteilung PZB werden Mechanismen und Regulatoren der **Salztoleranz in Gerste** untersucht. In Kreuzungspopulationen von Gerste, deren Elternlinien eine unterschiedliche Salztoleranz aufweisen, wurden durch strukturelle und Proteomanalysen und einen Hefekomplementationsansatz eine Reihe von Kandidatengen identifiziert, die in der pflanzlichen Antwort auf Salzstress involviert sind (Witzel et al. 2009, J. Exp. Bot.; Witzel et al. 2010, Plant Cell Environ., Witzel et al. 2013, Mol. Plant). In einem transgenen Ansatz wird derzeit geprüft, ob diese Kandidatengene erhöhte Salztoleranz in einer salzempfindlichen Gerstenlinie vermitteln.

In einer Kooperation zwischen den Arbeitsgruppen Molekulare Pflanzenernährung und Angewandte Biochemie wurden **neue Sekundärmetabolite** entdeckt, die Toleranz gegenüber Eisenmangel erhöhen. Unter Eisenmangel induzieren *Arabidopsis*-Pflanzen die Biosynthese und Sekretion von Coumarinen in die Rhizosphäre. Unter diesen Wurzelexsudaten besitzen einige, wie z. B. Esculetin, ausgeprägte Eigenschaften als Fe(III)-Chelatoren, die Eisenmangelpflanzen wieder ergrünen lassen können (Schmid et al. 2013, Plant Physiol.). Diese Arbeit entstand auch als Ergebnis einer Kooperation mit dem IPB Halle (D. Scheel) und dem King's College London (R.C. Hider).

Die Ag Pflanzliche Reproduktionsbiologie hat frühzeitig auf sich abzeichnende Möglichkeiten des Genom-Engineerings gesetzt und die Herstellung und Verwendung Zielsequenz-spezifischer **Transcription Activator-Like (TAL)-Nukleasen** für die *in planta*

These platforms are used in particular to advance common departmental research projects, such as the identification of barley genotypes or genes increasing salt tolerance, of secondary metabolites increasing nutrient efficiency or of substances and mechanisms for the initiation of embryonic development.

There was also a considerable extension of field trials. Due to several new projects with plant breeders and the fertilizer industry the area for wheat, rapeseed and sugar beet trials has been enlarged and new field equipment has been acquired. In frame of German Plant Phenotyping Network (DPPN), coordinated by Prof. T. Altmann, this also includes automated field phenotyping equipment for the hyperspectral analysis of the plant nutritional status.

Some highlights that result mainly from departmental cooperations:

A cooperative approach including all groups of the Physiology and Cell Biology Department investigates mechanisms and regulators of **salt tolerance in barley**. Using a yeast complementation approach and structural and proteome analyses with mapping populations from parental lines with contrasting salt tolerance a series of candidate genes has been identified which are involved in salt stress responses (Witzel et al. 2009, J. Exp. Bot.; Witzel et al. 2010, Plant Cell Environ.; Witzel et al. 2013, Mol. Plant). A transgenic approach currently addresses the question whether and to what extent these candidate genes are able to confer salt tolerance in a salt-sensitive barley line.

In cooperation between the Molecular Plant Nutrition group and the Applied Biochemistry group **new secondary metabolites** were discovered, which enhance plant tolerance against iron deficiency. Under iron deficiency, *Arabidopsis* plants induce the biosynthesis and secretion of coumarins, among which esculetin provides strong Fe(III)-chelating properties and allows the regreening of iron-deficient plants (Schmid et al. 2013, Plant Physiol.). This work also resulted from cooperation with the IPB Halle (Prof. D. Scheel) and the King's College London (Prof. R.C. Hider).

The Plant Reproductive Biology group has been focusing on the emerging research field of genome engineering. Site-directed mutagenesis *in planta* of DNA target motives of choice using **Transcription Activator-Like Endonucleases (TALENs)** has been established in barley. Such designer endonucleases allow for genetic modifications with unprecedented predictability and precision and are thus deemed to be a new generation of biotechnological tools.

In continuation of the research towards the elucidation of initial mechanisms of pollen embryogenesis the groups Structural Cell Biology and Plant Reproductive Biology in cooperation with the group Chromosome Structure and Function have teamed up to investigate structural and molecular particularities of **chromatin modification in gametophytic (regular) versus embryogenetic pollen development** (see Fig. 40, p. 133). Through the analysis of chromatin modification using

Mutagenese nahezu frei wählbarer Motive genomischer DNA bei Gerste etabliert. Solche Designer-Endonukleasen ermöglichen eine bislang unerreichte Vorhersagbarkeit und Präzision genetischer Veränderungen und gelten daher als neue Generation biotechnologischer Werkzeuge.

In Fortführung der Forschungsarbeiten der Arbeitsgruppen Strukturelle Zellbiologie und Pflanzliche Reproduktionsbiologie zur Aufklärung initialer Mechanismen der Pollen-Embryogenese werden in Kooperation mit der Ag Chromosomenstruktur und -funktion die strukturellen und molekularen Besonderheiten der **Chromatinmodifikation vergleichend bei gametophytischer (normaler) und embryogenetischer Pollenentwicklung** untersucht. Die Anwendung von immunocytochemischen Methoden (see Fig. 40, S. 133) und Live-Cell-Imaging für die Darstellung von Chromatinmodifikationen soll klären, ob die epigenetische Prädisposition der Mikrospore in kausaler Beziehung zur Auslösung der Pollenembryogenese steht. Die neuen Erkenntnisse sollen als Voraussetzung für die wissenschaftliche Entwicklung einer leistungsfähigen Haploidentechnologie und deren Nutzung in der praktischen Pflanzenzüchtung dienen.

Mit der **systembiologischen Modellierung der Abbauege von n-Butanol, Tanninen und Purinen** bzw. der beim Transfer von aeroben auf anaeroben Bedingungen ablaufenden Adaptationsprozesse gelang der Ag Hefegenetik am Beispiel der Hefe *Arxula adeninivorans* die Aufklärung von bisher noch unbekanntem bzw. nur teilweise charakterisierten eukaryotischen Stoffwechselwegen. Das am IPK komplett sequenzierte und annotierte Genom dieser Hefe in Kombination mit genetischen und gentechnischen Tools (Herstellung entsprechender Mutanten, Fusionsprodukte, mitotischer Segreganten und Transformanten) erlaubte sowohl die Identifizierung als auch die Charakterisierung aller Enzyme (einschließlich deren Gene) dieser sowohl für die Grundlagenforschung als auch für die biotechnologische Forschung äußerst bedeutenden Stoffwechselwege. So ist *Arxula* die bisher einzige bekannte Hefe, die n-Butanol als C-Quelle über Butyraldehyd, Buttersäure, Butyryl-CoA, Butyryl-carnitin, Butyryl-CoA und weiter über die  $\beta$ -Oxidation verwerten kann.

Im Biosensorklabor der Ag Hefegenetik wurden neue, auf DNA-DNA- oder DNA-RNA-Hybridisierung bzw. auf Protein-Antikörper- oder Hormon/Pharmazeutika-Rezeptor-Interaktion basierende **Biosensoren** und **Bioassays** entwickelt und validiert, mit denen sich phytopathogene Bakterien und RNA-Viren an Pflanzen einerseits sowie Hormonaktivitäten, Dioxine und Pharmazeutika in Umweltproben und Nahrungs- oder Futtermitteln andererseits schnell, eindeutig und reproduzierbar nachweisen lassen. So konnte eine neuartige Messplattform zur *Semi-Online*-Erfassung und Überwachung von Spurenstoffen, insbesondere von Arzneimittelwirkstoffen, als Summenparameter in Oberflächenwasser und Kläranlagenabläufen etabliert und in den Probetrieb genommen werden.

Nicolaus von Wirén, Januar 2014

immunocytochemical methods and live cell imaging, the aim is to elucidate whether an epigenetic predisposition of microspores is essential for the initiation of pollen embryogenesis. The results will facilitate the knowledge-based development of a powerful haploid technology and its implementation in practical plant breeding.

Using systems biology-based modelling the Yeast Genetics group succeeded in elucidating **degradation pathways of n-butanol, tannic acid and purines** as well as adaptive response during the shift from aerobic to anaerobic conditions in the non-conventional yeast *Arxula adeninivorans*. The complete sequencing and annotation of its genome in combination with genetic and biotechnical tools (selection of respective mutants, fusion products, mitotic segregants and transformants) allowed the identification and characterization of all enzymes (including the respective genes) of these important pathways. So far, *Arxula* is the first yeast exploiting n-butanol as a carbon source via butyraldehyde, butyric acid, butyryl CoA, butyryl carnitine, butyryl CoA and  $\beta$ -oxidation.

In the biosensor laboratory of the Yeast Genetics group, **new biosensors and bioassays** based on DNA-DNA or DNA-RNA hybridisations as well as protein-antibody or hormone/pharmaceuticum-receptor interactions have been developed and validated for the fast and reproducible detection of phytopathogenic bacteria and RNA-viruses on plants as well as of hormonal activities, dioxins and pharmaceuticals in environmental samples, feed or food. A new platform has been established and first trials have begun for the semi-online detection and controlling of trace substances like pharmaceuticals as sum parameters in surface water and effluents of sewage plants.

Nicolaus von Wirén, January 2014

# Research Group: Molecular Plant Nutrition

Head: Prof. Nicolaus von Wirén

## Scientists

### *IPK financed*

Araya, Takao, Dr. (since 15.05.2013)  
 Barunawati, Nunun (0,50, 01.07.-30.09.2012)  
 Bauer, Bernhard (0,50, till 30.04.2012)  
 Bohner, Anne, Dr.  
 Donath, Sebastian (0,50, 01.09.-31.10.2012)  
 Eroglu, Seckin (0,50, since 01.01.2013)  
 Ghaffari, Mohammad Reza (0,50/0,25, 01.06.-30.11.2012;  
 01.02.-31.05.2013; 01.11.-31.12.2012)  
 Gruber, Benjamin D., Dr. (till 30.09.2012)  
 Hajirezaei, Mohammad R., Dr.  
 Hettwer Giehl, Ricardo Fabiano, Dr.  
 Manasse Laginha, Alberto (0,50, since 01.07.2013)  
 Schmid, Nicole (0,50, since 01.01.2013)

### *Grant Positions*

Boylu, Baris (0,50 BMBF, till 30.09.2013)  
 Dietrich, Ralf Christian, Dr. (0,50/1,00 BMBF/DPPN, since  
 01.12.2012)  
 Donath, Sebastian (0,50 DFG, till 31.08.2012)  
 Eggert, Kai, Dr. (BMBF)  
 Eroglu, Seckin (0,50 BMBF, till 31.12.2012)  
 Ghaffari, Mohammad Reza (0,50 BMBF, till 31.05.2012)  
 Gierth, Diana (0,50 BMBF, since 01.02.2012)  
 Gruber, Benjamin D., Dr. (BMBF/DPPN, since 01.10.2012)  
 Hilo, Alexander (0,50 DFG, since 18.03.2013)  
 Hosseini, Seyed Abdollah (0,50 BMELV)  
 Leps, Britt, Dr. (0,25 SAW/Leibniz Graduate School Gatersleben,  
 since 01.05.2012)  
 Lingam, Brahmasivasenkar (0,50 SAW/Leibniz Graduate School  
 Gatersleben)  
 Liu, Zhaojun (0,50 SAW/Leibniz Graduate School Gatersleben,  
 since 01.10.2012)  
 Manasse Laginha, Alberto (0,50 DFG, till 30.06.2013)  
 Meier, Markus (0,65 DFG, since 01.09.2012)  
 Schmid, Nicole (0,50 BMBF, till 31.12.2012)  
 Shahinnia, Fahimeh, Dr. (0,65 DFG, 01.04.-31.12.2012)  
 Shi, Dr. Rongli (0,75/1,00 DFG, till 30.09.2013; BMBF/DPPN,  
 since 01.10.2013)  
 Ye, Fanghua (0,50 DFG)

### *Visiting Scientists/Scholars*

Barunawati, Nunun (Indonesia Government, till 30.06.2012;  
 self-financed, 01.10.-31.12.2012)  
 Chokkalingam, Manopriya (IAESTE-DAAD, 12.05.-31.07.2012)  
 Delprato, Laura-Maria (DAAD, 10.09.-14.12.2013)  
 Dobrowski, Nina (self-financed, 22.07.-01.08.2012)  
 Donath, Sebastian (self-financed, 01.11.2012-31.05.2013)  
 Duan, Fengying (China Government, till 31.10.2012)  
 Elbeltagy, Adel, Prof. (DAAD, 01.10.2012-31.01.2013)

Ghaboli, Medhi (Ministry of Science, Research and Technology  
 Iran, till 04.04.2012)

Ghaffari, Mohammad Reza (self-financed, 01.12.2012-  
 31.01.2013; 01.06.-31.10.2013)

Junker, Björn, Prof. (self-financed, since 01.07.2013)

Kim, Young-Min (self-financed, till 31.01.2012)

Leskova, Alexandra, Dr. (Scholarship Programme of Slovak  
 Republic, 29.08.2012-30.11.2013; since 31.12.2013)

Liiving, Tiina (self-financed, since 01.07.2013)

Müntz, Klaus, Prof. (self-financed, till 31.12.2012)

Poskar, Hart, Dr. (self-financed, since 01.07.2013)

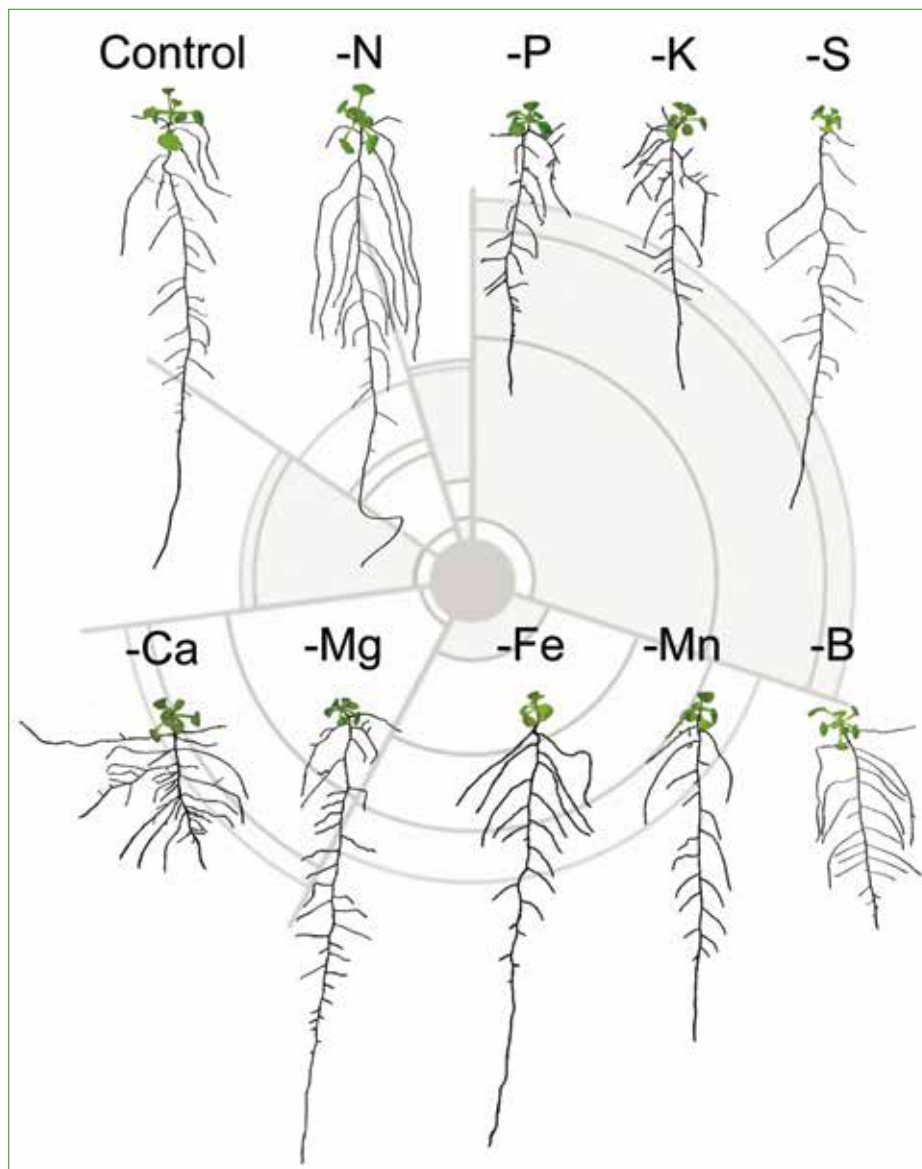
## Goals

Identification and characterization of morphological and physiological responses of plants subjected to varying nutritional conditions and of the cross-talk of these responses with other abiotic or biotic stresses. Ultimate goals are i) to uncover how plants sense the internal and external availability of nutrients and how nutrient sensing processes are integrated into root development and yield formation, and ii) to employ these responses to improve nutrient efficiency and stress tolerance in crops.

## Research Report

**Nutrient sensing.** Plants alter their root system architecture (RSA) with the availability of mineral nutrients. Internal nutrient deficiencies provoke systemic responses in RSA, while higher nutrient availabilities in restricted root zones provoke local responses. In most cases, such morphological responses to nutrient supply are the result of nutrient sensing processes.

To characterize the systemic regulation of RSA, *Arabidopsis* plants were cultured on agar medium and subjected to an increasing deficiency of all 14 essential mineral elements. A quantitative analysis of seven root traits allowed setting up a "compendium" for RSA changes under nutrient deficiencies. In cooperation with S. Friedel (Data Inspection group) we developed a plasticity chart as a tool that represents changes in root plasticity in a single graph (Gruber et al. 2013; Fig. 38, p. 126). Current experiments aim at identifying "hubs" in the transcriptional regulation of nutrient-dependent changes in RSA (B. Gruber, R. Giehl). To characterize local responses in RSA we used horizontally- or vertically-split agar plates with localized nutrient supplies and showed that under localized iron supply lateral roots respond with an enhanced elongation. This response relies on a local upregulation of the auxin transporter AUX1 which allows the accumulation of shoot-derived auxin in lateral root apices to promote lateral root elongation (Giehl et al. 2012, Plant Cell; Plant Sign. Behav.). Currently, we search for



**Fig. 38**  
Influence of several nutrient deficiencies on root system architecture. Plants were grown on agar plates in the absence of the nutrients indicated above. The pie chart in the background represents a "plasticity chart", in which the area enclosed represents the overall change of root traits under a given nutrient deficiency (B. Gruber, R. Giehl).

*Arabidopsis* mutants affected in targeted lateral root responses and investigate root developmental processes, in which nutrients and plant growth-promoting rhizobacteria alter phytohormone signalling pathways (R. Giehl, S. Lingam, M. Meier, A. Leskova, T. Araya).

**Ammonium transporters.** In an attempt to elucidate novel mechanisms in the posttranslational regulation of AMT-type ammonium transporters in *Arabidopsis*, we generated a C-terminal mutation in AMT1;3 that mimics constitutive phosphorylation and expressed it in different *Arabidopsis amt* mutant backgrounds. Influx studies with  $^{15}\text{NH}_4^+$  showed that this inactive AMT1;3 variant trans-inactivates endogenously expressed AMT1;3 but also the other isoform AMT1;1. Biochemical studies provided further evidence for a physical interaction of AMT1;3 with AMT1;1 that allows cross-talk for the mutual regulation of their transport activity in response to external ammonium (Yuan et al. 2013, *Plant Cell*). Currently we explore other signals causing C-terminal regulation of AMTs and investigate whether

there is also a cross-talk between AMTs and NRT2-type nitrate transporters (A. Laginha, F. Duan, A. Böhner).

In a cooperation with Jinxing Lin from CAS Beijing we used total internal reflection fluorescence microscopy to show that elevated supply of external ammonium causes a rapid internalization of AMT1;3 from the plasma membrane by clathrin-mediated endocytosis (Wang et al. 2013, *PNAS*). In cooperation with A. Zuccaro from MPI for Terrestrial Microbiology at Marburg we further found that the ammonium transporter AMT1 from the fungus *Piriformospora indica* is involved in ammonium sensing. When *Piriformospora indica* infects barley roots it switches from biotrophic to necrotrophic growth when plants become N deficient. However, suppression of AMT1 expression in *Piriformospora indica* prevents the fungus from entering the necrotrophic growth phase (Lahrmann et al. 2013, *PNAS*).

**Nutrient remobilization.** In our role as coordinator of the DFG research unit FOR948 on nitrogen remobilization in senescing plants, we focussed on the role of the urea transporter DUR3 in



senescing leaves of *Arabidopsis* and found that the upregulation of DUR3 during senescence serves for urea retrieval from the leaf apoplast and increases the phloem loading with N (A. Böhner).

In parallel, studies with hydroponically-grown barley and field-grown wheat plants were conducted to investigate the influence of leaf senescence on Fe and Zn remobilization to seeds (Shi et al. 2012, *New Phytol.*; Barunawati et al. 2013, *Front. Plant Nutr.*). Together with gene expression studies and the analysis of metals and potential chelators in senescing leaves, this approach showed that phytosiderophores and citrate play an important role for Fe mobilization in senescing source leaves as a prerequisite for Fe retranslocation to sink organs (R. Shi, N. Barunawati, B. Bauer).

In an ionomics approach to study the retranslocation behaviour of different mineral elements during germination in rapeseed we found for K a very rapid retranslocation from cotyledons to the hypocotyl and root. Relative to the critical deficiency levels of vegetative tissues, seed tissues were particularly low in B, K and Fe (Eggert and von Wirén 2013, *Metallomics*). Further analyses of the ionome of seeds and seedlings, grouped according to their germination efficiency, indicated that in particular low S, Mg and Ca coincided with germination failure (K. Eggert).

**Iron efficiency** strongly relies on the genetically determined ability of plants to increase Fe acquisition in the rhizosphere either by Fe(III) reduction and Fe<sup>2+</sup> uptake, as in strategy I plants, or by the release of phytosiderophores and subsequent Fe(III)-phytosiderophore uptake, as in graminaceous (strategy II) plants. To identify genes controlling Fe acquisition in *Arabidopsis*, a collection of 3500 *Arabidopsis* T-DNA insertion lines was screened on calcareous substrate for phenotypes that show less or more severe Fe deficiency-induced chlorosis than wild type plants. This approach led to the identification of F6'H1, a gene encoding an Fe-dependent dioxygenase involved in the phenylpropanoid pathway (Schmid et al. 2013, *Plant Physiol.*) and a MYB-type transcription factor involved in the regulation of F6'H1. An alternative screening approach on agar medium allowed the isolation of a MTP-type transporter that transports Fe and Mn and has a modulating role in the expression of Fe deficiency-induced chlorosis. These genes and their related physiological processes are further characterized for their role in Fe efficiency (N. Schmid, R. Giehl, S. Eroglu).

**Hexokinases** are central enzymes in glycolysis that phosphorylate glucose and related hexoses and thereby can fulfil sensing functions in carbohydrate metabolism. In tobacco ten hexokinase isoforms have been identified and silenced in transgenic plants. Only RNAi lines of NtHXK1 showed chlorosis, severely damaged mesophyll tissue and an excess accumulation of starch. Metabolite analyses and functional studies indicated that the loss of activity of this cytosolic hexokinase blocked downstream processing of glucose and caused starch accumulation in chloroplasts. This study indicated a central function of NtHXK1 in primary carbon metabolism that can be primarily explained by its catalytic activity (Kim et al. 2013, *Plant Cell Environ.*; Young-M. Kim, M.-R. Hajirezaei).

Plant ferredoxins are electron donors essential for redox processes in the chloroplast but rapidly degraded under biotic or abiotic stresses. Transgenic tobacco lines, in which ferredoxin is knocked-down by RNA interference, exhibited arrested growth, leaf chlorosis and inhibited photosynthesis. Chloroplast or nuclear transformation of these plants with a **cyanobacterial flavodoxin** gene restored photosynthetic activity and the wild-type phenotype. In addition, these transgenics were more tolerant than wild-type plants to oxidative stress imposed by the redox-cycling herbicide methyl viologen. These results show that cyanobacterial flavodoxin is able to functionally replace plant-endogenous ferredoxin (Blanco et al. 2011, *Plant J.*; Ceccoli et al. 2012, *Planta*) and suggest that the superior stability of flavodoxin and its more efficient cycling of reduction equivalents enhance stress tolerance (M.-R. Hajirezaei).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- CECCOLI, R.D., N.E. BLANCO, M.E. SEGRETIN, M. MELZER, G.T. HANKE, R. SCHEIBE, M.R. HAJIREZAEI, F.F. BRAVO-ALMONACID & N. CARRILLO: Flavodoxin displays dose-dependent effects on photosynthesis and stress tolerance when expressed in transgenic tobacco plants. *Planta* 236 (2012) 1447-1458.
- FAN, B., L.C. CARVALHAIS, A. BECKER, D. FEDOSEYENKO, N. VON WIRÉN & R. BORRIS: Transcriptomic profiling of *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42 in response to maize root exudates. *BMC Microbiol.* 12 (2012) 116.
- FRIEDEL, S., B. USADEL, N. VON WIRÉN & N. SREENIVASULU: Reverse engineering: a key component of systems biology to unravel global abiotic stress cross-talk. *Front. Plant Sci.* 3 (2012) 294.
- GIEHL, R., J. LIMA & N. VON WIRÉN: Regulatory components involved in altering lateral root development in response to localized iron: Evidence for natural genetic variation. *Plant Signal. Behav.* 7 (2012) 711-713.
- GIEHL, R.F.H., J.E. LIMA & N. VON WIRÉN: Localized iron supply triggers lateral root elongation in *Arabidopsis* by altering the AUX1-mediated auxin distribution. *Plant Cell* 24 (2012) 33-49.
- HASHEMI, A., G.H. NEMATZADEH, G.H. HOSSEINI SALEKDEH, S.A. HOSSEINI & M.R. HAJIREZAEI: Physiological and metabolic responses in rice under salt stress. *Crop Biotech* 1 (2012) 1-14.
- JONIK, C., U. SONNEWALD, M.R. HAJIREZAEI, U.I. FLÜGGE & F. LUDEWIG: Simultaneous boosting of source and sink capacities doubles tuber starch yield of potato plants. *Plant Biotechnol. J.* 10 (2012) 1088-1098.
- KALLARACKAL, J., S.N. BAUER, H. NOWAK, M.R. HAJIREZAEI & E. KOMOR: Diurnal changes in assimilate concentrations and fluxes in the phloem of castor bean (*Ricinus communis* L.) and tansy (*Tanacetum vulgare* L.). *Planta* 236 (2012) 209-223.
- SHI, R., G. WEBER, J. KÖSTER, M. REZA-HAJIREZAEI, C. ZOU, F. ZHANG & N. VON WIRÉN: Senescence-induced iron mobilization in source leaves of barley (*Hordeum vulgare*) plants. *New Phytol.* 195 (2012) 372-383.

- SONNEWALD, S., J.P. PRILLER, J. SCHUSTER, E. GLICKMANN, M.R. HAJIREZAEI, S. SIEBIG, M.B. MUDGETT & U. SONNEWALD: Regulation of cell wall-bound invertase in pepper leaves by *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* type three effectors. *PLoS One* 7 (2012) e51763.
- TURAN, M., M. GULLUCE, N. VON WIRÉN & F. SAHIN: Yield promotion and phosphorus solubilization by plant growth-promoting rhizobacteria in extensive wheat production in Turkey. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* 175 (2012) 818-826.
- YIN, R., B. MESSNER, T. FAUS-KESSLER, T. HOFFMANN, W. SCHWAB, M.R. HAJIREZAEI, V. VON SAINT PAUL, W. HELLER & A.R. SCHAFFNER: Feedback inhibition of the general phenylpropanoid and flavonol biosynthetic pathways upon a compromised flavonol-3-O-glycosylation. *J. Exp. Bot.* 63 (2012) 2465-2478.

## 2013

- AHKAMI, A.H., M. MELZER, M.R. GHAFARI, S. POLLMANN, M. GHORBANI JAVID, F. SHAHINIA, M.R. HAJIREZAEI & U. DRUEGE: Distribution of indole-3-acetic acid in *Petunia hybrida* shoot tip cuttings and relationship between auxin transport, carbohydrate metabolism and adventitious root formation. *Planta* 238 (2013) 499-517.
- BARUNAWATI, N., R.F.H. GIEHL, B. BAUER & N. VON WIRÉN: The influence of inorganic nitrogen fertilizer forms on micronutrient retranslocation and accumulation in grains of winter wheat. *Front. Plant Nutr.* 4 (2013) Article 320.
- BLANCO, N.E., R.D. CECCOLI, M.V. VÍA, I. VOSS, M.E. SEGRETIN, F.F. BRAVO-ALMONACID, M. MELZER, M.R. HAJIREZAEI, R. SCHEIBE & G.T. HANKE: Expression of the minor isoform pea ferredoxin in tobacco alters photosynthetic electron partitioning and enhances cyclic electron flow. *Plant Physiol.* 161 (2013) 866-879.
- CARVALHAIS, L.C., P.G. DENNIS, B. FAN, D. FEDOSEYENKO, K. KIERUL, A. BECKER, N. VON WIRÉN & R. BORRIS: Linking plant nutritional status to plant-microbe interactions. *PLoS One* 8 (2013) e68555.
- EGGERT, K. & N. VON WIRÉN: Dynamics and partitioning of the ionome in seeds and germinating seedlings of winter oilseed rape. *Metallomics* 5 (2013) 1316-1325.
- FROMM, J., M.R. HAJIREZAEI, V.K. BECKER & S. LAUTNER: Electrical signaling along the phloem and its physiological responses in the maize leaf. *Front. Plant Sci.* 4 (2013) Artikel 239.
- GRUBER, B.D., R.F.H. GIEHL, S. FRIEDEL & N. VON WIRÉN: Plasticity of the *Arabidopsis* root system under nutrient deficiencies. *Plant Physiol.* 163 (2013) 161-179.
- GU, R., F. DUAN, X. AN, F. ZHANG, N. VON WIRÉN & L. YUAN: Characterization of AMT-mediated high-affinity ammonium uptake in roots of maize (*Zea mays* L.). *Plant Cell Physiol.* 54 (2013) 1515-1524.
- KIM, Y.M., N. HEINZEL, J.O. GIESE, J. KOEBER, M. MELZER, T. RUTTEN, N. VON WIRÉN, U. SONNEWALD & M.R. HAJIREZAEI: A dual role of tobacco hexokinase 1 in primary metabolism and sugar sensing. *Plant Cell Environ.* 36 (2013) 1311-1327.
- LAHRMANN, U., Y. DING, A. BANHARA, M. RATH, M.R. HAJIREZAEI, S. DÖHLEMANN, N. VON WIRÉN, M. PARNISKE & A. ZUCCARO: Host-related metabolic cues affect colonization strategies of a root endophyte. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (2013) 13965-13970.
- WANG, Q., Y. ZHAO, W. LUO, R. LI, Q. HE, X. FANG, R. DE MICHELE, C. AST, N. VON WIRÉN & J. LIN: Single particle analysis reveals shutoff

control of the *Arabidopsis* ammonium transporter AMT1;3 by clustering and internalization. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (2013) 13204-13209.

- YUAN, L.X., R.L. GU, Y.H. XUAN, E. SMITH-VALLE, D. LOQUÉ, W.B. FROMMER & N. VON WIRÉN: Allosteric regulation of transport activity by heterotrimerization of *Arabidopsis* Ammonium Transporter complexes *in vivo*. *Plant Cell* 25 (2013) 974-984.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

- BARUNAWATI, N.: Iron and zinc translocation from senescent leaves to grains of wheat (*Triticum aestivum* cv. Akteur) in response to nitrogen fertilization and citric acid application. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 104 pp.
- HEY, S.: Microscopic analysis of the formation of acidic compartments in Fe-deficient *Arabidopsis* roots. (Diploma Thesis) Universität Hohenheim, Stuttgart (2012) 83 pp.

# Research Group: Applied Biochemistry

Head: Dr. Hans-Peter Mock

## Scientists

### *IPK financed*

Döll, Stefanie (0,50/1,00, till 31.12.2012; 01.02.-30.04.2013)  
 Jozefowicz, Anna (0,50 Pakt für Forschung und Innovation, 01.07.-30.09.2012)  
 Petridis, Antonios, Dr. (01.01.-31.03.2013)  
 Peukert, Manuela (0,50, till 30.04.2013)

### *Grant Positions*

Arens, Nadja (0,50 BMELV, since 01.12.2012)  
 Dittbrenner, Anke (Industry, till 31.10.2013)  
 Döll, Stefanie (EU, 01.01.-31.01.2013; BMBF/DPPN, since 01.05.2013)  
 Jozefowicz, Anna (0,50 BMBF, 01.01.-30.06.2012; 0,50 BMBF/FNR, since 01.10.2012)  
 Lippmann, Rico (0,50/1,00 BMBF, till 15.10.2013)  
 Marienhagen, Patrick (0,50 Uni Halle-WCH, till 31.03.2013)  
 Matros, Andrea, Dr. (BMBF)  
 Perez-Pinar Lopez, Teresa (0,50 BMBF/FNR, since 01.11.2013)  
 Petridis, Antonios, Dr. (EU, 01.04.-30.06.2013)  
 Peukert, Manuela (0,50/1,00 BMBF, since 01.05.2013)

### *Visiting Scientists/Scholars*

Aftab, Tariq, Dr. (DAAD, 28.11.2012-30.11.2013)  
 Bautista-Abad, Nuria Fernandez (Spanish-Scholarship, 07.10.-24.11.2013)  
 Bulling, Katharina (self-financed, 03.09.-26.10.2012)  
 Hashemi, Amenehsadat (Ministry of Science, Research and Technology Iran, till 31.01.2012)  
 Lattanzio, Giuseppe (self-financed, 24.04.-31.07.2012)  
 Merx, Kathleen (self-financed, 01.04.2012-31.03.2013)  
 Nawrot, Robert, Dr. (Scholarship of Adam Mickiewicz University, 01.07.-31.08.2012; 01.10.-31.10.2012)  
 Peshev, Darin (self-financed, 07.05.-07.07.2013)  
 Petridis, Antonios, Dr. (DAAD, since 01.07.2013)  
 Wang, Rongfan (China Scholarship Council-CSC, since 02.10.2012)

## Goals

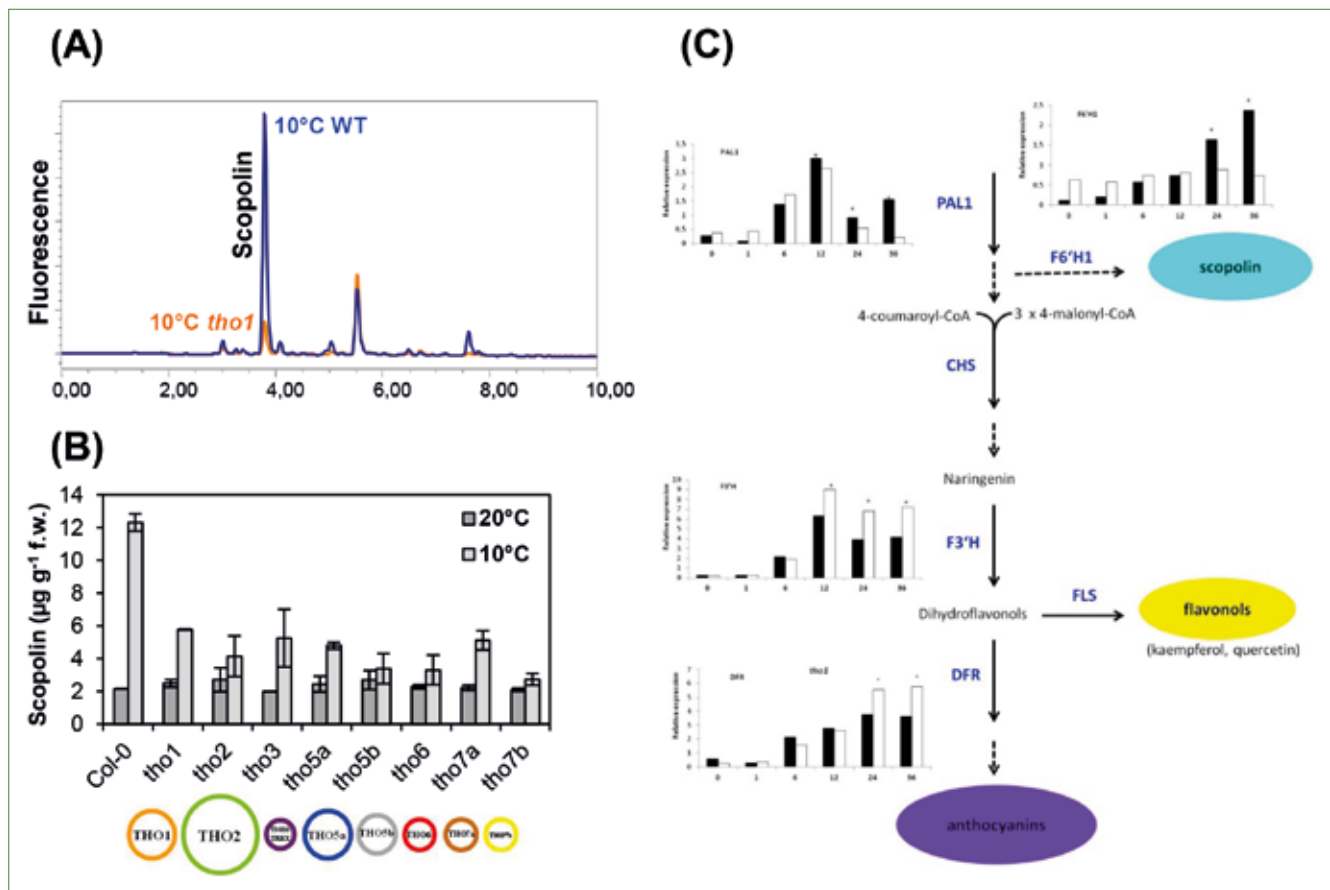
The main research interest of the group is the biosynthesis and regulation of secondary metabolism, in particular of phenylpropanoids. Important aspects are their protective functions against abiotic and biotic stresses *in planta*, but also their potential health effects as a part of the human diet. Major goals are to gain insights into regulatory programs and mechanism of resource allocation into different branches of secondary metabolism and to unravel tissue specific metabolite functions. Integrative approaches combining proteomics, metabolomics and transcriptome analysis are applied to study the integration of secondary metabolism into overall cellular defence mechanisms.

## Research Report

The potential beneficial health effects of **anthocyanins** are followed in the EU project **ATHENA** and within a project funded by the **WissenschaftsCampus Halle**. Within the ATHENA project the group is responsible for the phytochemical characterization of plant materials and model foods. Plant tissues are profiled for flavonoids and related phenylpropanoids with potentially beneficial health effects by using HPLC-UV-MS. Plant materials studied comprise transgenic tomato fruits with ectopic expression of transcription factors regulating anthocyanin biosynthesis, maize, blood orange accessions and grape cell cultures. A major aim of the project is to study the effects of individual anthocyanins in feeding studies using animal model systems. For this purpose, preparative isolation of anthocyanins from different sources has been started by adopting HPLC methods to a larger scale (A. Matros, R. Wang, S. Döll; collaboration with ATHENA partners). The potential use of purple barley and wheat lines for a healthy diet is studied within a project funded by the WissenschaftsCampus Halle (R. Wang). In this project, consumer acceptance studies are performed in parallel by colleagues at the Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien (IAMO) in Halle (collaboration with R. Teuber).

The biochemical and molecular analysis of **exudate biosynthesis in glandular trichomes** of tobacco varieties has been continued. Methods for analysis of diterpenoids and for sucrose esters have been applied to quantify the amounts of individual diterpenoids and of sucrose esters in exudates of about forty tobacco accessions. Next generation sequencing technique was applied to sequence trichome cDNA libraries generated for three selected accessions. Array experiments were performed with a larger set of accessions (N. Arens, S. Döll, R. Lippmann, A. Matros).

The functional characterization of putative regulatory factors of **coumarin biosynthesis** was continued (see Fig. 39, p. 130). Knock-out mutant and wild type plants were grown under conditions favouring coumarin accumulation and array experiments were performed to compare the expression profiles as a means to further characterize the regulatory context of the candidate genes. Stress experiments and subcellular localization of metabolites were performed to characterize individual candidate genes as well as the kinetics of gene expression and product accumulation. Involvement of coumarins in iron nutrition is studied in collaboration with the group of N. von Wirén (A. Petridis, S. Döll).


**Fig. 39**

Control of cold-induced scopolin biosynthesis in *Arabidopsis thaliana* leaves by members of the THO gene family.

(A) HPLC chromatogram of leaf extracts from *Arabidopsis* wildtype and mutant plants exposed to cold stress. The *tho1* mutant plants accumulate lower amounts of the coumarin scopolin under cold stress.

(B) Impact of members of the THO gene family on cold-induced scopolin accumulation.

(C) Differential transcriptional control of phenylpropanoid metabolism by THO1. Relative transcript levels of key phenylpropanoid biosynthetic genes in wildtype (black) and *tho1* (white) grown for 36 h at 10 °C. Transcript levels were determined by quantitative RT-PCR and normalized to the reference transcripts PPR and SAND.

THO: suppressors of the transcriptional defects of *hpr1Δ* by overexpression (St. Döll, A. Petridis, H.-P. Mock).

A major area of research in the group has been the study of changes in **proteome and metabolite patterns** during **barley grain maturation** with an emphasis on processes involved in endosperm development and filling. The multiplexed LC-MS analysis of individual barley grain tissues isolated by laser capture micro-dissection combined with pressure catapulting (LMPC), allowed for the identification of several proteins showing tissue-specificity in their expression (S. Kaspar, M. Peukert, A. Matros; collaboration with W. Weschke). **MALDI-MS imaging** approaches have been established to monitor the **spatial and temporal patterns of metabolites** during barley grain development (M. Peukert, A. Matros). The resulting large data sets revealed distinct metabolite distributions specific to various tissues as well as to different developmental stages of barley grains. A large number of compounds underlying these signals were tentatively identified by a combination of analytical approaches. Methods included the MS/MS analysis of compounds on tissue with or without enzymatic digestions; analysis of related biosynthetic enzymes. As an outcome of these efforts, most of the signals were annotated as being derived from oligosaccharides and lipids. A hypothesis on the potential role of fructans as a protective agent during sugar import was formulated and will be functionally verified (M. Peukert, A. Matros; collaboration with W. Weschke).

Metabolic profiling analysis as a means to support predictive models of **hybrid wheat** performance (HYWHEAT) has been continued (A. Matros, collaboration with J. Reif).

The project on **salt stress responses** in barley mapping populations with contrasting tolerances has been continued with the functional characterization of candidate proteins identified by earlier proteome approaches (A. Matros; T. Aftab; collaboration with A. Börner and all groups of the Physiology and Cell Biology department). Drought stress and nutrient limitation of selected potato cultivars are studied by a proteomics approach (A. Jozefowicz).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

CAPANOGU, E., J. BEEKWILDER, A. MATROS, D. BOYACIOGLU, R.D. HALL & H.P. MOCK: Correlation of rutin accumulation with 3-O-glucosyl transferase and phenylalanine ammonia-lyase activities during the ripening of tomato fruit. *Plant Foods Hum. Nutr.* 67 (2012) 371-376.

- FILA, J., A. MATROS, S. RADAU, R.P. ZAHEDI, V. ČAPKOVÁ, H.P. MOCK & D. HONYS: Revealing phosphoproteins playing role in tobacco pollen activated *in vitro*. *Proteomics* 12 (2012) 3229-3250.
- JANIAK, A., S. PIÓRKO, A. MATROS, H.P. MOCK, M. KWAŚNIEWSKI, K. CHWIAŁKOWSKA, B. CHMIELEWSKA & I. SZAREJKO: A comparative analysis of proteins that accumulate during the initial stage of root hair development in barley root hair mutants and their parent varieties. *J. Appl. Genet.* 53 (2012) 363-376.
- MELONEK, J., A. MATROS, M. TRÖSCH, H.P. MOCK & K. KRUPINSKA: The core of chloroplast nucleoids contains architectural SWIB domain proteins. *Plant Cell* 24 (2012) 3060-3073.
- PEUKERT, M., A. MATROS, G. LATTANZIO, S. KASPAR, J. ABADIA & H.P. MOCK: Spatially resolved analysis of small molecules by matrix-assisted laser desorption/ionization mass spectrometric imaging (MALDI-MSI). *New Phytol.* 193 (2012) 806-815.
- RIEWE, D., M. KOOHI, J. LISEC, M. PFEIFFER, R. LIPPMANN, J. SCHMEICHEL, L. WILLMITZER & T. ALTMANN: A tyrosine aminotransferase involved in tocopherol synthesis in *Arabidopsis*. *Plant J.* 71 (2012) 850-859.

### 2013

- BARKLA, B.J., T. CASTELLANOS-CERVANTES, J.L. DIAZ DE LEÓN, A. MATROS, H.P. MOCK, F. PEREZ-ALFOCEA, G.H. SALEKDEH, K. WITZEL & C. ZÖRB: Elucidation of salt stress defense and tolerance mechanisms of crop plants using proteomics – Current achievements and perspectives. *Proteomics* 13 (2013) 1885-1900.
- GUTIERREZ-CARBONELL, E., G. LATTANZIO, R. SAGARDOY, J. RODRÍGUEZ-CELMA, J.J. RÍOS RUIZ, A. MATROS, A. ABADÍA, J. ABADÍA & A.F. LÓPEZ-MILLÁN: Changes induced by zinc toxicity in the 2-DE protein profile of sugar beet roots. *J. Proteomics* 94 (2013) 149-161.
- LATTANZIO, G., S. ANDALUZ, A. MATROS, J.J. CALVETE, J. KEHR, A. ABADÍA, J. ABADÍA & A.F. LÓPEZ-MILLÁN: Protein profile of *Lupinus texensis* phloem sap exudates: Searching for Fe- and Zn-containing proteins. *Proteomics* 13 (2013) 2283-2296.
- MATROS, A. & H.P. MOCK: Mass spectrometry based imaging techniques for spatially resolved analysis of molecules. *Front. Plant Sci.* 4 (2013) 89.
- MUTHURAMALINGAM, M., A. MATROS, R. SCHEIBE, H.P. MOCK & K.J. DIETZ: The hydrogen peroxide-sensitive proteome of the chloroplast *in vitro* and *in vivo*. *Front. Plant Sci.* 4 (2013) 54.
- PEUKERT, M., S. WEISE, M.S. RÖDER & I.E. MATTHIES: Development of SNP markers for genes of the phenylpropanoid pathway and their association to kernel and malting traits in barley. *BMC Genet.* 14 (2013) e97.
- TRAUTWEIN-SCHULT, A., D. JANKOWSKA, A. CORDES, P. HOFERICHTER, C. KLEIN, A. MATROS, H.P. MOCK, K. BARONIAN, R. BODE & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* recombinant urate oxidase and its application in the production of food with low uric acid content. *J. Mol. Microbiol. Biotechnol.* 23 (2013) 418-430.

### Books and Book Chapters

#### 2013

- AGARWAL, R., A. MATROS, M. MELZER & H.P. MOCK: Blue-native page analysis validates heterogeneity in the thylakoids of *Synechocystis* 6803. In: KUANG, T., C. LU & L. ZHANG (Eds.): *Photosynthesis Research for Food, Fuel and the Future*. 15<sup>th</sup> Int. Conf. Photosynthesis. (Series: Advanced Topics in Science and Technology in China). Springer, Berlin-Heidelberg (2013) 385-388.
- MOCK, H.P. & Z.Y. WANG (Eds.): *Frontiers in Agriculture Proteome Research: Contribution of Proteomics Technology in Agricultural Sciences: Proc. 3<sup>rd</sup> Int. Symp. "Frontiers in Agriculture Proteome Research"*. NARO Institute of Crop Science (2013) 143 pp.
- PEUKERT, M., A. MATROS, A. DITTBRENNER, U. SEIFFERT & H.P. MOCK: Mass spectrometry based imaging in plant science: current status and perspectives. In: MOCK, H.P. & Z.Y. WANG (Eds.): *Frontiers in Agriculture Proteome Research: Contribution of Proteomics Technology in Agricultural Sciences: Proc. 3<sup>rd</sup> Int. Symp. "Frontiers in Agriculture Proteome Research"*. NARO Institute of Crop Science (2013) 3-6.

### PhD and Diploma Theses

#### 2012

- ARENS, N.: *Molekularbiologische und phytochemische Untersuchungen in Trichomen verschiedener *Nicotiana tabacum* Genbank-Akzessionen mit besonderer Betrachtung von Genen des Sekundärmetabolismus*. (Diploma Thesis) Universität Kassel, Fachbereich 10 Mathematik und Naturwissenschaften, Kassel (2012) 100 pp.
- HEDTMANN, C.: *Biochemische und molekulare Untersuchungen der HOP/STI1 Proteinfamilie in Pflanzen*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2012) 127 pp.
- LIPPMANN, R.: *Physiologische und bioanalytische Untersuchungen während der Pollenembryogenese von *Hordeum vulgare**. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2012) 149 pp.

#### 2013

- DÖLL, S.: *Studies on scopolin and scopoletin – stress-induced accumulation and regulatory elements*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 196 pp.
- PEUKERT, M.: *Spatiotemporal distributions of metabolites involved in barley grain development with emphasis on endosperm formation*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 196 pp.
- WANG, D.: *Identifizierung von Metaboliten der Gerste zur Charakterisierung der Salzstressabwehr*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2013) 77 pp. (Hochschulbetreuer aus dem IPK: Prof. G. Kunze, Dr. U. Scholz).

ZLATINA, K.: Proteomanalysen des Kavernensaftes in Gerstensamen. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 45 pp.

ZWIES, C.: Untersuchungen zum Phosphoproteinmuster von Gerstenwurzeln bei Salzstress. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2013) 45 pp.

## Research Group: Structural Cell Biology

Head: Dr. Michael Melzer

### Scientists

*IPK financed*

Rutten, Twan, Dr.

*Grant Positions*

Muszyńska, Aleksandra (0,50 Industry, since 15.06.2012)

*Visiting Scientists/Scholars*

Daghma, Dina El-Din, Dr. (self-financed, 07.10.-12.10.2013)

Marzec, Marek (DAAD, 11.04.-11.05.2012, 01.06.-25.06.2012, 23.10.-08.11.2012, 28.11.-21.12.2012, 02.03.-26.03.2013; self-financed, 15.07.-21.08.2013)

Kothari, S. L., Prof. (DFG/INSA-Programme, 09.02.-01.03.2012)

Pandey, Pooja (DAAD Siemens Fellowship)

Prokhorenko, Isabella R., Prof. (self-financed, 11.07.-12.08.2013)

Tayyab, Muhammad (Scholarship Higher Education Commission Pakistan, 08.11.2012-03.08.2013)

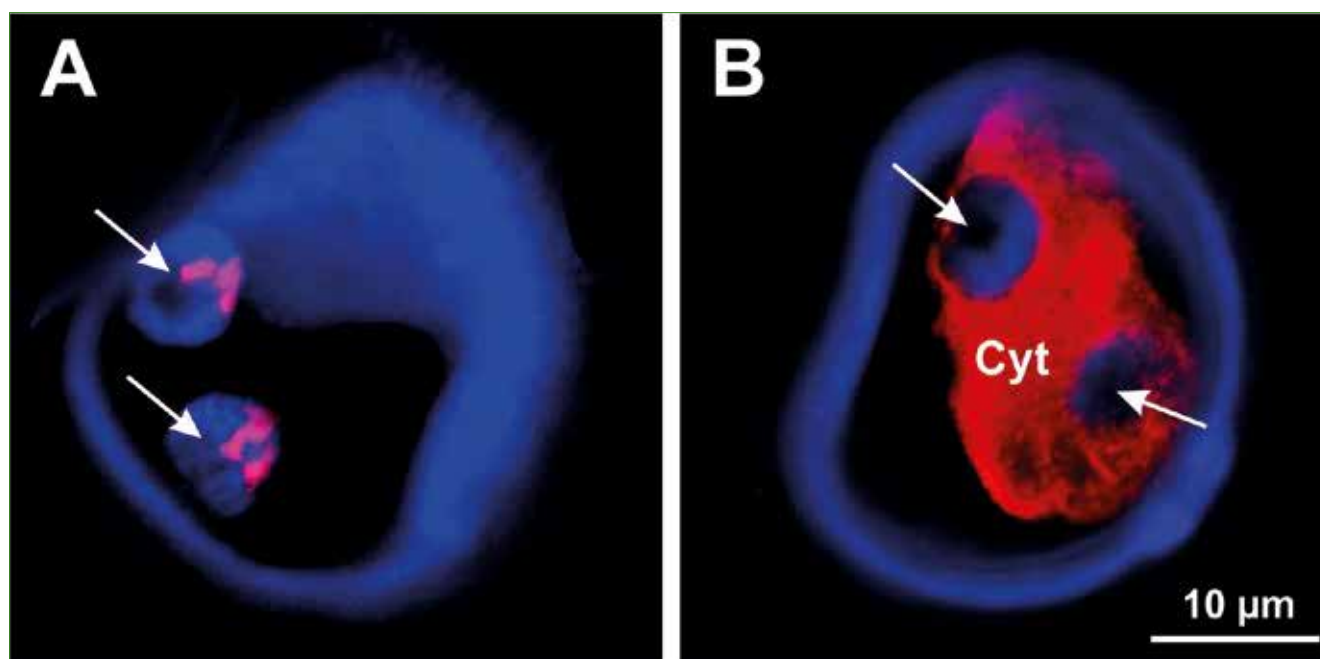
### Goals

As core facility for light and electron microscopy we perform histological and ultrastructural analysis of metabolic and developmental processes in plants. Our studies which comprise both own research projects, as well as internal and external co-operations, focus mainly on ultrastructural characterization,

monitoring of cell dynamic processes and the spatial distribution of macromolecules in plants using sophisticated cell biological techniques.

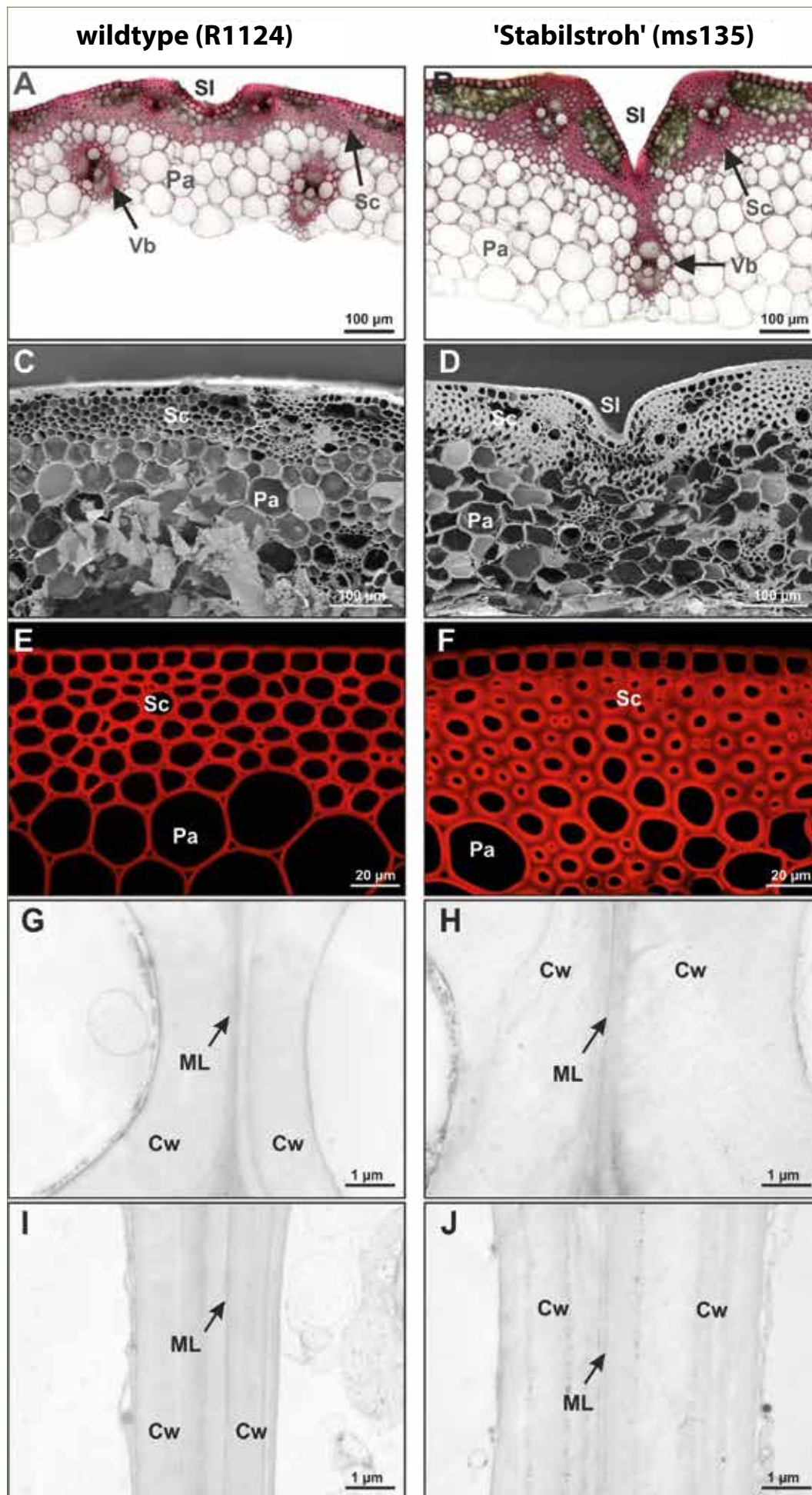
### Research Report

**Pollen embryogenesis** is a powerful tool to produce haploid and doubled haploid plants. In collaboration with the research groups Plant Reproductive Biology (J. Kumlehn) and Chromosome Structure and Function (A. Houben) we continued the search for underlying mechanisms using barley as a model plant (P. Pandey). Since gene expression is influenced by epigenetic modifications we hypothesized that the latter might be a driving force behind induction. By means of immunolabeling we first documented the dynamic epigenetic modifications during pollen gametogenesis, which confirmed active gene expression in the vegetative cell and overall silencing in the generative cell (Pandey 2013). Within 24 h after the start of induction of pollen embryogenesis profound redistributions were observed in the chromatin modifications H3K9ac, H3K4me2, and H3K27me3 which play a profound role in regulating transcriptional activity (Fig. 40). The results suggest an **important role for epigenetic modifications in pollen embryogenesis**. Since the modifications take place before first pollen mitosis, they are also the earliest indicators for successful pollen induction.



**Fig. 40**

Distribution of histone H3K27me3 (histone3 trimethylated at position lysine 27) in pollen of *Hordeum vulgare* using fluorescence immunolabeling in combination with confocal laser scanning microscopy. Shortly after first pollen mitosis fluorescence signal in gametophytic pollen is restricted to specific domains in both nuclei (A), while after induction of embryogenesis histone H3K27me3 labeling is present throughout the cytoplasm but absent from the nuclei (B). Arrows indicate the position of nuclei. Cyt, cytoplasm (P. Pandey, T. Rutten, J. Kumlehn, A. Houben and M. Melzer).



**Fig. 41** Structural characterisation of cross sections of basal internodes of wildtype (R1124) and 'Stabilstroh' (ms135). (**A, B**) Phloroglucinol staining of 150  $\mu\text{m}$  thick vibratome sections of fresh material reveals enhanced lignin content (red) and more pronounced stalk invaginations in 'Stabilstroh'. (**C, D**) Scanning electron microscopy images of straw. (**E, F**) Fluorescence microscopy images of 2  $\mu\text{m}$  thick sections of Spurr's resin embedded tissue stained with basic fuchsin (EX BP 546/12, BS FT 560, EM BP 575-640). (**G-J**) Transmission electron microscopy images of sclerenchyma (**G, I**) and parenchyma (**H, J**) shows significantly thicker cell walls in ms135. Cw, cell wall; ML, middle lamella; Pa, parenchyma; Sc, sclerenchyma; SI, stalk invagination; Vb, vascular bundle (A. Muszyńska, A. Börner, M. Röder and M. Melzer).



**Lodging**, the state of permanent displacement of the tillers from their upright position, is a main concern in crop production as it decreases grain quality and increases the costs of harvesting. **Lodging resistance** is the most important objective in rye breeding. In a joint project with Dieckmann GmbH & Co. KG, Monsanto Saaten GmbH and the research groups Gene and Genome Mapping (M. Röder), and Resources Genetics and Reproduction (A. Börner) we focus on the **molecular genetic and histological characterisation of the trait 'Stabilstroh'** (A. Muszyńska). This recently identified genotype of rye has the best lodging resistance and simultaneously is characterised by the longest tillers among the German collection of rye hybrids. To identify the genetic traits histological and ultrastructural studies were performed on the basal internodes of segregating F<sub>2</sub> population ('304/1') and its parental lines (see Fig. 41, p. 134). 'Stabilstroh' was found to have a significantly higher sclerenchyma/parenchyma ratio while both sclerenchyma cell walls and inner periclinal cell walls of the epidermis are clearly thickened in comparison to the wildtype. 'Stabilstroh' is also characterised by a high number of pronounced stalk invaginations, an important factor in enhancing mechanical stability. These parameters affecting mechanical stability of tillers are currently being used to find **Quantitative Trait Loci (QTLs) underlying these distinct morphological characters**.

To gain deeper insight into determinants of **salt tolerance** we continued our immunological studies of the localisation of Horculin in roots of the **salt-tolerant line Morex and the salt-sensitive line Steptoe** in a joint project of the Department of Physiology and Cell Biology.

To improve the understanding of the regulation of biological processes in plants is a major aspect of numerous internal and external cooperations. Together with the research group Molecular Plant Nutrition (M.R. Hajirezaei) the **morphological characterisation of *Petunia hybrida* shoot tip** cuttings exposed to various nutrient supplies was continued with a strong emphasis on hormone effect, carbohydrate metabolism and adventitious root formation.

In close collaboration with the research group Quantitative Genetics (I. Lermontova) the **distribution and dynamics of the CENH3 binding proteins KNL2 and SIM3** were investigated in root tip cells of *Arabidopsis thaliana*. Using YFP-tagged constructs and live cell imaging KNL2 was found located to centromeres throughout the cell cycle until prophase. During mitosis KNL2 circulated in the cytoplasm. After the nuclear membranes reformed, KNL2 first reentered the nucleoplasm followed by the centromeres. The distribution of SIM3, which is also involved in CENH3 assembly, resembles that of KNL2, except for the absence of an accumulation at centromeres. Both proteins are highly mobile with recovery times after bleaching being about five times less for SIM3 than those for KNL2.

The **six-rowed spike phenotype**, which has the potential to significantly increase grain yield in barley, is under the control of at least five different genes. Intermediate forms, which show a mixture of both six- and two-rowed phenotype have pointed to the existence of yet another factor, the lab-gene, which is

under investigation by the research group Plant Architecture (H. Youssef). SEM analysis of pike development has become an essential aspect for identifying the development and extent of *labile* features in plant lines under investigation

In a common project (DAAD) with the Dept. of Genetics, Katowice, Poland (I. Szarejko, M. Marzec) we continued working on the **structural and molecular characterisation of root epidermal cells** for the identification of new genes involved in root hair development in *Hordeum vulgare*. Using histological and cell biological methods the system of the cell pattern of barley root epidermis was investigated. Obtained results showed that root hair differentiation starts with an asymmetric expansion of the daughter cells arising from a symmetric division. A central element appears to be the symplasmic communication between root epidermal cells which becomes restricted during cell specialisation. We observed that in mutant lines lacking root hair differentiation this symplasmic isolation does not occur. Immunolocalisation studies of the arabinogalactan-protein (AGP) epitopes (LM2, LM14, and MAC207) showed that at least three different classes of AGPs are involved in root hair development in barley.

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- AGARWAL, R., G. MARALIHALLI, V. SUDARSAN, S.D. CHOUDHURY, R.K. VATSA, H. PAL, M. MELZER & J.K. SAINIS: Differential distribution of pigment-protein complexes in the Thylakoid membranes of *Synechocystis* 6803. *J. Bioenerg. Biomembr.* 44 (2012) 399-409.
- AGUECI, F., T. RUTTEN, D. DEMIDOV & A. HOUBEN: *Arabidopsis* AtNek2 kinase is essential and associates with microtubules. *Plant Mol. Biol. Rep.* 30 (2012) 339-348.
- CECCOLI, R.D., N.E. BLANCO, M.E. SEGRETIN, M. MELZER, G.T. HANKE, R. SCHEIBE, M.R. HAJIREZAEI, F.F. BRAVO-ALMONACID & N. CARRILLO: Flavodoxin displays dose-dependent effects on photosynthesis and stress tolerance when expressed in transgenic tobacco plants. *Planta* 236 (2012) 1447-1458.
- DAGHMA, D.S., J. KUMLEHN, G. HENSEL, T. RUTTEN & M. MELZER: Time-lapse imaging of the initiation of pollen embryogenesis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *J. Exp. Bot.* 63 (2012) 6017-6021.
- HEDTKE, B., A. ALAWADY, A. ALBACETE, K. KOBAYASHI, M. MELZER, T. ROITSCH, T. MASUDA & B. GRIMM: Deficiency in riboflavin biosynthesis affects tetrapyrrole biosynthesis in etiolated *Arabidopsis* tissue. *Plant Mol. Biol.* 78 (2012) 77-93.
- HENSEL, G., S. OLESZCZUK, D.E. DAGHMA, J. ZIMNY, M. MELZER & J. KUMLEHN: Analysis of T-DNA integration and generative segregation in transgenic winter triticale (x *Triticosecale* Wittmack). *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 171.
- JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of LEAFY COTYLEDON1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 71 (2012) 427-442.

- KASARAS, A., M. MELZER & R. KUNZE: *Arabidopsis* senescence-associated protein DMP1 is involved in membrane remodeling of the ER and tonoplast. *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 54.
- MEYER, R.C., H. WITUCKA-WALL, M. BECHER, A. BLACHA, A. BOUDICHEVSKAIA, P. DÖRMANN, O. FIEHN, S. FRIEDEL, M. VON KORFF, J. LISEK, M. MELZER, D. REPSILBER, R. SCHMIDT, M. SCHOLZ, J. SELBIG, L. WILLMITZER & T. ALTMANN: Heterosis manifestation during early *Arabidopsis* seedling development is characterized by intermediate gene expression and enhanced metabolic activity in the hybrids. *Plant J.* 71 (2012) 669-683.
- RADCHUK, V., J. KUMLEHN, T. RUTTEN, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. ROLLETSCHKE, C. HERRFURTH, I. FEUSSNER & L. BORISJUK: Fertility in barley flowers depends on *Jekyll* functions in male and female sporophytes. *New Phytol.* 194 (2012) 142-157.
- SEDZIELEWSKA, K.A., E. BÖER, C. BELLEBNA, T. WARTMANN, R. BODE, M. MELZER, K. BARONIAN & G. KUNZE: Role of the *AFRD1* encoded fumarate reductase in hypoxia and osmotolerance in *Arxula adenivorans*. *FEMS Yeast Res.* 12 (2012) 924-937.
- THIEL, J., J. HOLLMANN, T. RUTTEN, H. WEBER, U. SCHOLZ & W. WESCHKE: 454 transcriptome sequencing suggests a role for two-component signalling in cellularization and differentiation of barley endosperm transfer cells. *PLoS One* 7 (2012) e41867.
- THIEL, J., D. RIEWE, T. RUTTEN, M. MELZER, S. FRIEDEL, F. BOLLENBECK, W. WESCHKE & H. WEBER: Differentiation of endosperm transfer cells of barley - a comprehensive analysis at the micro-scale. *Plant J.* 71 (2012) 639-655.
- 2013**
- AHKAMI, A.H., M. MELZER, M.R. GHAFARI, S. POLLMANN, M. GHORBANI JAVID, F. SHAHINIA, M.R. HAJIREZAEI & U. DRUEGE: Distribution of indole-3-acetic acid in *Petunia hybrida* shoot tip cuttings and relationship between auxin transport, carbohydrate metabolism and adventitious root formation. *Planta* 238 (2013) 499-517.
- BLANCO, N.E., R.D. CECCOLI, M.V. VÍA, I. VOSS, M.E. SEGRETIN, F.F. BRAVO-ALMONACID, M. MELZER, M.R. HAJIREZAEI, R. SCHEIBE & G.T. HANKE: Expression of the minor isoform pea ferredoxin in tobacco alters photosynthetic electron partitioning and enhances cyclic electron flow. *Plant Physiol.* 161 (2013) 866-879.
- HARPE, D., S. MENG, T. RUTTEN, H. KERNDORFF & F.R. BLATTNER: Phylogeny of *Crocus* (Iridaceae) based on one chloroplast and two nuclear loci: Ancient hybridization and chromosome number evolution. *Mol. Phylogenet. Evol.* 66 (2013) 617-627.
- JÁSIK, J., B. BOGGETTI, F. BALUŠKA, D. VOLKMAN, T. GENSCHE, T. RUTTEN, T. ALTMANN & E. SCHMELZER: PIN2 turnover in *Arabidopsis* root epidermal cells explored by the photoconvertible protein Dendra2. *PLoS One* 8 (2013) e61403.
- KIM, Y.M., N. HEINZEL, J.O. GIESE, J. KOEBER, M. MELZER, T. RUTTEN, N. VON WIRÉN, U. SONNEWALD & M.R. HAJIREZAEI: A dual role of tobacco hexokinase 1 in primary metabolism and sugar sensing. *Plant Cell Environ.* 36 (2013) 1311-1327.
- KOPPOLU, R., N. ANWAR, S. SAKUMA, A. TAGIRI, U. LUNDQVIST, M. POURKHEIRANDISH, T. RUTTEN, C. SEILER, A. HIMMELBACH, R. ARIYADASA, H.M. YOUSSEF, N. STEIN, N. SREENIVASULU, T. KOMATSUDA & T. SCHNURBUSCH: *Six-rowed spike4 (Vrs4)* controls spikelet determinacy and row-type in barley. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (2013) 13198-13203.
- LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT: *Arabidopsis* KINETOCHORE NULL<sub>2</sub> is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. *Plant Cell* 25 (2013) 3389-3404.
- MARZEC, M., M. MELZER & I. SZAREJKO: Asymmetric growth of root epidermal cells is related to the differentiation of root hair cells in *Hordeum vulgare* L., *J. Exp. Bot.* 64 (2013) 5145-5155.
- MARZEC, M., A. MUSZYŃSKA & D. GRUSZKA: The role of strigolactones in nutrient-stress responses in plants. *Int. J. Mol. Sci.* 14 (2013) 9286-304.
- MAU, M., J.M. CORRAL, H. VOGEL, M. MELZER, J. FUCHS, M. KUHLMANN, N. DE STORME, D. GEELLEN & T.F. SHARBEL: The conserved chimeric transcript *UPGRADE-2* is associated with unreduced pollen formation and is exclusively found in apomictic *Boecheera*. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1640-1659.
- PANDEY, P., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, M. MELZER & T. RUTTEN: Chromatin alterations during pollen development in *Hordeum vulgare*. *Cytogenet. Genome Res.* 141 (2013) 50-57.
- RUBTSOVA, M., H. GNAD, M. MELZER, J. WEYEN & M. GILS: The auxins centrophenoxine and 2,4-D differ in their effects on non-directly induced chromosome doubling in anther culture of wheat (*T. aestivum* L.). *Plant Biotechnol. Rep.* 7 (2013) 247-255.
- ZBIERZAK, A.M., S. PORFIROVA, T. GRIEBEL, M. MELZER, J.E. PARKER & P. DÖRMANN: A TIR-NBS protein encoded by *Arabidopsis* *Chilling Sensitive 1 (CHS1)* limits chloroplast damage and cell death at low temperature. *Plant J.* 75 (2013) 539-552.

## Books and Book Chapters

### 2013

- AGARWAL, R., A. MATROS, M. MELZER & H.P. MOCK: Blue-native page analysis validates heterogeneity in the thylakoids of *Synechocystis* 6803. In: KUANG, T., C. LU & L. ZHANG (Eds.): *Photosynthesis Research for Food, Fuel and the Future*. 15<sup>th</sup> Int. Conf. Photosynthesis. (Series: Advanced Topics in Science and Technology in China). Springer, Berlin-Heidelberg (2013) 385-388.

# Research Group: Plant Reproductive Biology

Head: Dr. Jochen Kumlehn

## Scientists

### IPK financed

Bini, Federica, Dr. (since 01.06.2012)  
 Budhagatapalli, Navgaveni (0,25, 15.11.-31.12.2013)  
 Guse Tilo (0,50, 01.07.2012-31.03.2013)  
 Hensel, Götz, Dr. (0,50, since 01.10.2013)  
 Hiekel, Stefan (0,50, 01.04.-31.05.2012)  
 Saalbach, Isolde, Dr. (0,50 ATZ-Freistellung, till 31.05.2013)

### Grant Positions

Bini, Federica, Dr. (0,50 BMBF, 01.03.-31.05.2012)  
 Budhagatapalli, Navgaveni (0,50/1,00 BMBF, 01.04.-31.07.2013;  
 0,50 Industry, 01.08.-31.12.2012)  
 Daghma, Daa El-Din, Dr. (0,50 BMBF, till 31.07.2012)  
 Gurushidze, Maia, Dr. (BMBF)  
 Guse Tilo (0,50 Industry, till 30.06.2012; 01.07.-31.10.2013; 0,50  
 BMBF, 01.04.-30.06.2013)  
 Hensel, Götz, Dr. (1,00/0,50 BMBF)  
 Hiekel, Stefan (0,50 BMELV/FNR, since 01.06.2012)  
 Kastner, Christine (0,50 BMBF, till 15.05.2013)  
 Pencs, Stefanie (0,50 BMBF, till 30.04.2012)  
 Schedel, Sindy (0,50 BMBF, since 01.05.2012)

### Visiting Scientists/Scholars

Bini, Federica, Dr. (self-financed, till 28.02.2012)  
 Cambra, Inés (self-financed, 13.06.-13.08.2012)  
 Daghma, Daa El-Din, Dr. (self-financed, 01.08.-14.08.2012)  
 Gusgsa, Likyelesh, Dr. (Humboldt-Foundation, 01.10.-  
 10.11.2012; 26.07.-18.08.2013; 01.10.-01.12.2013)  
 Rode, Jeanette (self-financed, 21.05.-30.09.2012)  
 Saalbach, Isolde, Dr. (Nordsaat Saatzucht GmbH, till  
 31.12.2012; self-financed, 01.01.-31.10.2013)

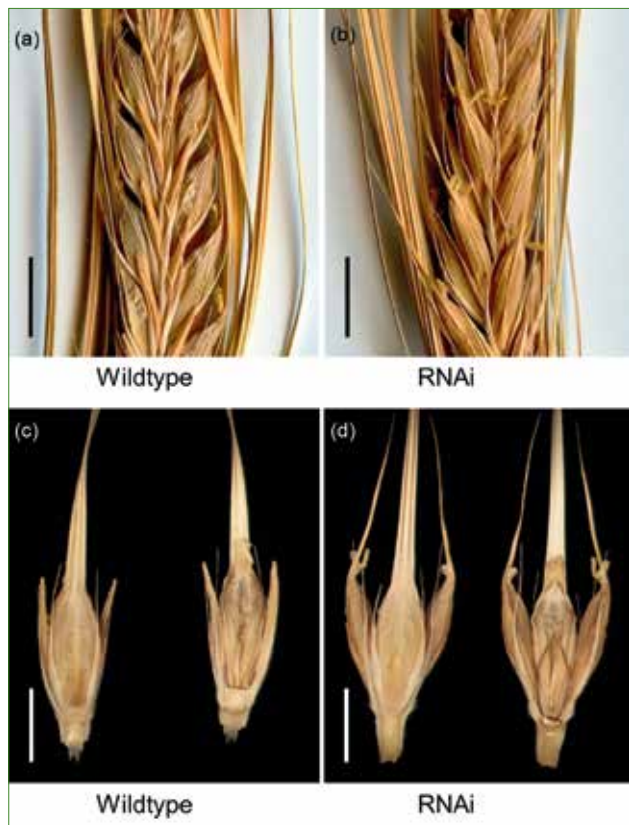
## Goals

The major activities of the Plant Reproductive Biology research group are devoted to the establishment of enabling technologies such as **genetic transformation, genome engineering, micro-dissection and manipulation of live cells** as well as the generation of genetically fixed plants. By providing such methods, we aim to facilitate applied research as well as crop improvement approaches. Further research of the group includes investigations on sexual and asexual plant reproduction, plant-pathogen interactions and many further aspects of crop plant performance.

## Research Report

Transcription activator-like effector nucleases (**TALENs**) are customisable fusion proteins which comprise DNA binding and FOKI endonuclease domains and thus have the capability of cleaving *in planta* virtually any genomic DNA sequence of choice, thereby facilitating targeted genetic modifications. With the aim to establish genome engineering in cereals, we expressed *GREEN FLUORESCENT PROTEIN (gfp)* gene-specific TALENs in pollen-derived, regenerable cells of barley carrying the *gfp* gene as stably integrated target sequence. Thanks to the haploid nature of these host cells and the screenable marker gene used, knock-out mutations were readily detected and, following genome duplication, homozygous primary mutant plants were obtained. In all, 22 % of the TALEN transgenics proved knocked out with respect to *gfp*, and the loss of function could be ascribed to deletions of between 4 and 36 nucleotides in length. The altered *gfp* alleles were transmitted normally through meiosis, and the knock-out phenotype was consistently shown by the offspring of two independent mutants. In the progeny of another primary mutant, additional *gfp* alleles were observed that had not been detected in the parental plant. From the data obtained, we infer various scenarios of the formation of homozygous, bi- and multi-allelic as well as chimeric mutants in dependence on host cell ploidy, mutation of TALEN binding sites, mutant cell contribution to the germ-line and generative segregation of alleles. The establishment of site-directed genome modification marks a cornerstone in the development of genetic engineering (M. Gurushidze, St. Hiekel, S. Schedel, I. Otto, A. Müller, G. Hensel).

During domestication of barley, the switch from 2- to 6-rowed spikes represents a hallmark for the further development of modern cultivars. In a collaborative effort along with the Genome Diversity research group of N. Stein and the group of T. Komatsuda at NIAS in Tsukuba/Japan, we provided experimental evidence that the row number is regulated by the *SIX-ROWED SPIKE 1 (VRS1)* gene, which encodes a homeodomain-leucine zipper I class transcription factor. *VRS1* is a paralog of *HvHOX2* and both evolved *via* duplication of an ancestral gene, which involved neofunctionalisation through divergence of expression patterns (Sakuma et al. 2013). **Transformation of the 2-rowed cultivar 'Golden Promise' using a *VRS1*-RNAi construct resulted in knock-down plants which indeed showed the 6-rowed phenotype** (Fig. 42, p. 138), provided the *VRS1* transcript level was reduced to below a certain threshold (C. Marthe, G. Hensel).



**Fig. 42**  
Comparison of spikes (a,b) and node segments (c,d) between 2-rowed cultivar 'Golden Promise', wildtype (a,c) and 6-rowed VR51-RNAi (b,d) barley, which confirms the genetic basis of the diversification of row-type during domestication, bars = 5 mm (Sakuma et al. 2013, recorded by T. Komatsuda, reproduction kindly permitted by John Wiley and Sons).

Drought is a major cause of yield loss. Analyses of two contrasting genotypes ("stay green" vs. normally senescing) confirmed that drought stress is associated with increased abscisic acid (ABA) levels. In cooperation with colleagues of the Stress Genomics group led by N. Sreenivasulu, we further elucidated how drought tolerance depends upon altered ABA fluxes. To this end, transgenic barley plants overexpressing or repressing key genes of ABA homeostasis (*NCED6* and *ABA HYDROXYLASE*) under control of a drought-inducible promoter were generated. Especially under terminal drought, **transgenic plants with lower ABA flux as in their wild type counterparts showed enhanced assimilation as well as improved water use efficiency**. The study demonstrates that drought tolerance can be significantly improved by a differential fine-tuning of ABA along episodes of exposure to drought conditions (C. Marthe, A. Müller, G. Hensel).

Plant viral infections are a widespread burden in crop production. After identification of the *PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE LIKE 5-1* (*HvPDIL5-1*) gene as a putative host susceptibility factor for Bymoviruses, its functional characterisation was conducted by a consortium involving colleagues of the Genome Diversity and Bioinformatics and Information Technology groups led by N. Stein and U. Scholz, and a team of F. Ordon at the JKI in Quedlinburg. In one of the three convergent approaches pursued, our contribution has been to complement the resistant

genotype W757/612 with a fully functional *HvPDIL5-1* allele via transgenesis. While plants carrying the transgene were predominantly susceptible to BaMMV infection, T<sub>1</sub> null-segregants proved to be consistently resistant (Yang et al. 2014), which provides compelling evidence that ***HvPDIL5-1* is a new factor that renders barley susceptible to Bymovirus infection** (C. Bollmann, G. Hensel).

Most fungal pathogens are highly host-specific. In order to investigate non-host and partial resistance of barley against rust fungi of the genus *Puccinia*, the susceptible line 'SusPtrit' had been the first choice. However, this line is not amenable to genetic transformation, which hampers the validation of genes involved in plant-pathogen interaction. Therefore, a mapping population derived from the cross 'SusPtrit' × 'Golden Promise' was generated by the group of R. Niks at Wageningen University and screened for rust-susceptible double haploid (DH)-lines. The infection levels observed in this population ranged from immune to more susceptible than 'SusPtrit'. Four highly susceptible DHs were then tested for their amenability to *Agrobacterium*-mediated transformation. The best DH showed a transformability fairly comparable to that of 'Golden Promise' (Yeo et al. 2013). This line named '**Golden SusPtrit**' will greatly facilitate future studies on non-host and partial resistance towards fungal diseases (S. Freist, S. Sommerfeld, G. Hensel).

The ABC transporter gene *LR34* confers durable, broad-spectrum resistance of wheat against multiple fungal pathogens. In collaboration with the group of B. Keller at Zurich University, transgenic barley plants were generated to investigate whether this resistance mechanism is functional across cereal species. **Constitutive overexpression of the genomic LR34 sequence in barley resulted in resistance against leaf rust, powdery mildew as well as wheat stem rust**. By contrast, transgenic barley harbouring the cDNA or genomic sequence of the 'susceptible' *lr34* allele showed no altered resistance phenotype. Whereas the resistance in wheat is confined to adult plants, transgenic barley exhibits multipathogen resistance already at the seedling stage. However, leaf tip necrosis which is associated with *LR34*-based resistance was evident in young transgenic barley, while only the flag leaf is concerned in resistant wheat. The more severe leaf necrosis in barley entails reductions in plant growth and total grain weight (Risk et al. 2013). This study provides the first example in cereals, where fungal resistance is achieved by heterologous expression of a gene derived from another species (C. Bollmann, S. Freist, S. Sommerfeld, G. Hensel).

*Ustilago maydis* is a biotrophic pathogen causing maize smut disease. In a cooperation with the group of G. Döhlemann at the Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology in Marburg, we showed that **RNAi-mediated suppression of the putative cystatin CC9 gene caused a strong induction of maize defense gene expression along with a hypersensitive response to *Ustilago maydis* and a significant reduction of fungal colonisation**. The generation of transgenic maize plants overexpressing *CC9:mCherry* revealed that CC9 is local-

ised to the apoplast. In addition, ubiquitously accumulated CC9 blocked cysteine protease activity and salicylic acid-dependent gene expression (Van der Linde et al. 2012). In this study, we demonstrated that apoplastic cysteine proteases play a pivotal role in maize defense signaling, and identified cystatin CC9 as a novel compatibility factor that suppresses cysteine protease activity to allow biotrophic interaction of the host plant with the fungal pathogen (C. Kastner, H. Büchner).

In cereals, yield essentially depends upon assimilate partitioning to the fluorescence. Aiming to increase the yield by enhanced sucrose supply to the grain, we have generated transgenic winter wheat with elite background, which ectopically expresses the barley sucrose transporter *HvSUT1* gene controlled by the barley *HORDEIN B1* promoter. In cooperation with the Seed Development group led by W. Weschke, three independent homozygous transgenic lines were grown over three years in micro-plots. Grain yield was increased by as much as 28 % along with significantly elevated iron and zinc contents compared to the non-transgenic control. The strong increase in thousand grain weight overcompensated some decrease in grain number per spike and grain protein content (I. Saalbach, P. Hoffmeister).

Doubled haploidy is a fundamental tool in plant breeding as it provides the fastest way to generate populations of meiotic recombinants in a genetically fixed state. To shed a bit of light on the so far unknown mechanisms that cause the switch from gametophytic to embryogenic development, we teamed up with the Structural Cell Biology led by M. Melzer to investigate the cellular dynamics during the onset of pollen embryogenesis. To this end, we established a time-lapse **imaging method for embryogenic pollen** (Daghma et al. 2012) and used a transgenic barley line that accumulates GREEN FLUORESCENT PROTEIN in the nuclei. **Video-like recordings enabled us to identify nine distinct embryogenic and non-embryogenic types of development.** Whereas proliferation started *via* a first symmetric mitosis in 54.3 % of the individually observed pollen, only 4.3 % of pollen did so *via* asymmetric pollen mitosis I, with the proliferation typically originating from the vegetative-like cell in the latter pathway. In the same study, we unambiguously demonstrated that spontaneous genome duplication, which is an essential component of DH formation, rests upon fusion of nuclei in imperfectly separated pairs of mitotic daughter cells (G. Hensel, I. Otto, A. Müller).

The secondary and tertiary gene pools of barley are deemed to be a highly useful source of genetic variability for future breeding approaches. To facilitate the implementation of this material in research and breeding, we have joint forces with F. Blattner of the Experimental Taxonomy group aiming to develop **haploid technology in a number of barley wild relatives.** For the time being, a reproducible protocol was established for *Hordeum bulbosum* (F. Bini).

Since the cellular origin of putatively doubled haploid plants produced is not always certain, we have adapted the principle

of enzymatic mismatch cleavage commonly used for TILLING to validate that the individuals produced by a given method are indeed homozygous and genetically distinct from each other. In a cooperation with Brad Till and his team at the Plant Breeding and Genetics Laboratory of the Joint FAO/IAEA Division in Vienna, we used barley as a model crop and tested 14 amplicons previously developed for TILLING. Four of the 14 tested primer pairs allowed unambiguous assignment of heterozygosity in material from F1 crosses and loss of heterozygosity in the doubled haploid plants (Hofinger et al. 2013). Through parallel testing of previously developed SSR markers, we demonstrated that the mismatch cleavage approach is about 3 times more efficient, as only 3 out of 32 SSR markers were suitable for screening (A. Müller, I. Otto).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- DAGHMA, D.S., J. KUMLEHN, G. HENSEL, T. RUTTEN & M. MELZER: Time-lapse imaging of the initiation of pollen embryogenesis in barley (*Hordeum vulgare* L.). *J. Exp. Bot.* 63 (2012) 6017-6021.
- GURUSHIDZE, M., J. FUCHS & F.R. BLATTNER: The evolution of genome size variation in drumstick onions (*Allium* subgenus *Melanocrommyum*). *Syst. Bot.* 37 (2012) 96-104.
- HENSEL, G., S. OLESZCZUK, D.E. DAGHMA, J. ZIMNY, M. MELZER & J. KUMLEHN: Analysis of T-DNA integration and generative segregation in transgenic winter triticale ( $\times$  *Triticosecale* Wittmack). *BMC Plant Biol.* 12 (2012) 171.
- KAPUSI, E., K. KEMPE, M. RUBTSOVA, J. KUMLEHN & M. GILS: phiC31 integrase-mediated site-specific recombination in barley. *PLoS One* 7 (2012) e45353.
- KAPUSI, E., L. MA, C.H. TEO, G. HENSEL, A. HIMMELBACH, I. SCHUBERT, F.M. METTE, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Telomere-mediated truncation of barley chromosomes. *Chromosoma* 121 (2012) 181-190.
- RADCHUK, V., J. KUMLEHN, T. RUTTEN, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. ROLLETSCHKE, C. HERRFURTH, I. FEUSSNER & L. BORISJUK: Fertility in barley flowers depends on *Jekyll* functions in male and female sporophytes. *New Phytol.* 194 (2012) 142-157.
- VAN DER LINDE, K., C. HEMETSBERGER, C. KASTNER, F. KASCHANI, R.A.L. VAN DER HOORN, J. KUMLEHN & G. DOEHLEMANN: A maize cystatin suppresses host immunity by inhibition of apoplastic cysteine proteases. *Plant Cell* 24 (2012) 1285-1300.

#### 2013

- CORRAL, J.M., H. VOGEL, O.M. ALIYU, G. HENSEL, T. THIEL, J. KUMLEHN & T.F. SHARBEL: A conserved apomixis-specific polymorphism is correlated with exclusive exonuclease expression in pre-meiotic ovules of apomictic *Boechera* species. *Plant Physiol.* 163 (2013) 1660-1672.
- HOFINGER, B.J., O.A. HUYNH, J. JANKOWICZ-CIESLAK, A. MÜLLER, I. OTTO, J. KUMLEHN & B.J. TILL: Validation of doubled haploid plants by enzymatic mismatch cleavage. *Plant Methods* 9 (2013) 43.

- KAPUSI, E., G. HENSEL, M.-J. CORONADO, S. BROEDERS, C. MARTHE, I. OTTO & J. KUMLEHN: The elimination of a selectable marker gene in the doubled haploid progeny of co-transformed barley plants. *Plant Mol. Biol.* 81 (2013) 149-160.
- MALIK, Z.A., G. HENSEL, J.A. QURESHI, S. MANSOOR, N. SREENIVASULU, J. KUMLEHN & N.A. SAEED: Improved agronomic and physiological performance of cultivar "Punjab-11"-derived transgenic wheat under drought stress. *Jokull J.* 63 (2013) 136-156.
- PANDEY, P., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, M. MELZER & T. RUTTEN: Chromatin alterations during pollen development in *Hordeum vulgare*. *Cytogenet. Genome Res.* 141 (2013) 50-57.
- RISK, J.M., L.L. SELTER, H. CHAUHAN, S.G. KRATTINGER, J. KUMLEHN, G. HENSEL, L.A. VICCARS, T.M. RICHARDSON, G. BUESING, A. TROLLER, E.S. LAGUDAH & B. KELLER: The wheat *Lr34* gene provides resistance against multiple fungal pathogens in barley. *Plant Biotechnol. J.* 11 (2013) 847-854.
- SAKUMA, S., M. POURKHEIRANDISH, G. HENSEL, J. KUMLEHN, N. STEIN, A. TAGIRI, N. YAMAJI, J.F. MA, H. SASSA, T. KOBAYASHI & T. KOMATSUDA: Divergence of expression pattern contributed to neofunctionalization of duplicated HD-Zip I transcription factor in barley. *New Phytol.* 197 (2013) 939-948.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

- BRUCHMÜLLER, A.: Untersuchungen zur post-transkriptionellen Gen-Inaktivierung in (monokotylen und dikotylen) Pflanzen und deren Beeinflussung zur Erhöhung der Transgen-Expression. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 120 pp.
- RIECHEN, J.H.: Etablierung einer Mehltaresistenz in Weizen durch Suppression von MLO. (PhD Thesis) Gottfried-Wilhelm-Leibniz-Universität Hannover, Hannover (2012) 160 pp.

### 2013

- PRATZKA, V.: *In silico* analysis of genes involved in the initiation of barley pollen embryogenesis. (Bachelor Thesis) Hochschule Mittweida (FH), Mittweida (2013) 54 pp.

## Research Group: Yeast Genetics

Head: Prof. Gotthard Kunze

### Scientists

#### IPK financed

Chamas, Alexandre (0,50, since 01.11.2013)  
 Gerlach, Torsten (0,50, 01.06.-30.06.2012)  
 Jankowska, Dagmara (0,50, till 31.07.2012)  
 Kasprzak, Jakub (0,50, 01.04.-31.05.2012; 10.12.2012-05.05.2013)  
 Pham, Thi Minh Ha, Dr. (0,50, till 31.01.2012)  
 Riechen, Jan, Dr. (0,50, 01.07.-31.07.2013)  
 Schwarz, Maria (0,50, 01.10.2012-31.03.2013)  
 Sedzielewska, Kinga Anna (0,50, till 30.04.2012)  
 Trautwein-Schult, Anke (0,50, till 31.07.2012)

#### Grant Positions

Bischoff, Felix (0,50 AIF, since 01.12.2012)  
 Chamas, Alexandre (0,50 AIF, till 31.10.2013)  
 Florschütz, Kristina, Dr. (AIF)  
 Gerlach, Torsten (0,50 BMBF, till 31.05.2012; 01.07.-31.08.2012)  
 Giersberg, Martin, Dr. (AIF)  
 Hähnel, Urs, Dr. (Industry, till 30.06.2013; AIF, since 01.07.2013)  
 Kasprzak, Jakub (0,50 Industry, till 31.03.2012; 0,50 AIF, 01.06.-09.12.2012; since 06.05.2013)  
 Malak, Anna Karolina (0,50 AIF, since 01.09.2013)  
 Pham, Thi Minh Ha, Dr. (BMBF, AIF, since 15.03.2012)  
 Riechen, Jan, Dr. (1,00 Industry, till 30.06.2013)  
 Schwarz, Maria (0,50 AIF, till 30.09.2012)  
 Worch, Sebastian, Dr. (AIF)

#### Visiting Scientists/Scholars

Gerlach, Torsten (self-financed, 01.09.2012)  
 Jankowska, Dagmara (self-financed, 01.08.-31.12.2012)  
 Kumari, Arti (DAAD, 05.09.-30.12.2012)  
 Nguyen, Nguyen Sy (MOET-scholarship, since 01.12.2012)  
 Pham, Thi Minh Ha, Dr. (self-financed, 01.02.-14.03.2012)  
 Rauter, Marion (self-financed, since 01.03.2012)  
 Riechen, Jan, Dr. (IPK/Firma Jäckering Mühlen- u. Nahrungsmittelwerke GmbH, since 01.08.2013)  
 Schwarz, Maria (self-financed, 01.04.-31.12.2013)  
 Sedzielewska, Kinga Anna (self-financed, 01.05.-31.05.2012)  
 Trautwein-Schult, Anke (self-financed, 01.08.2012-31.05.2013)

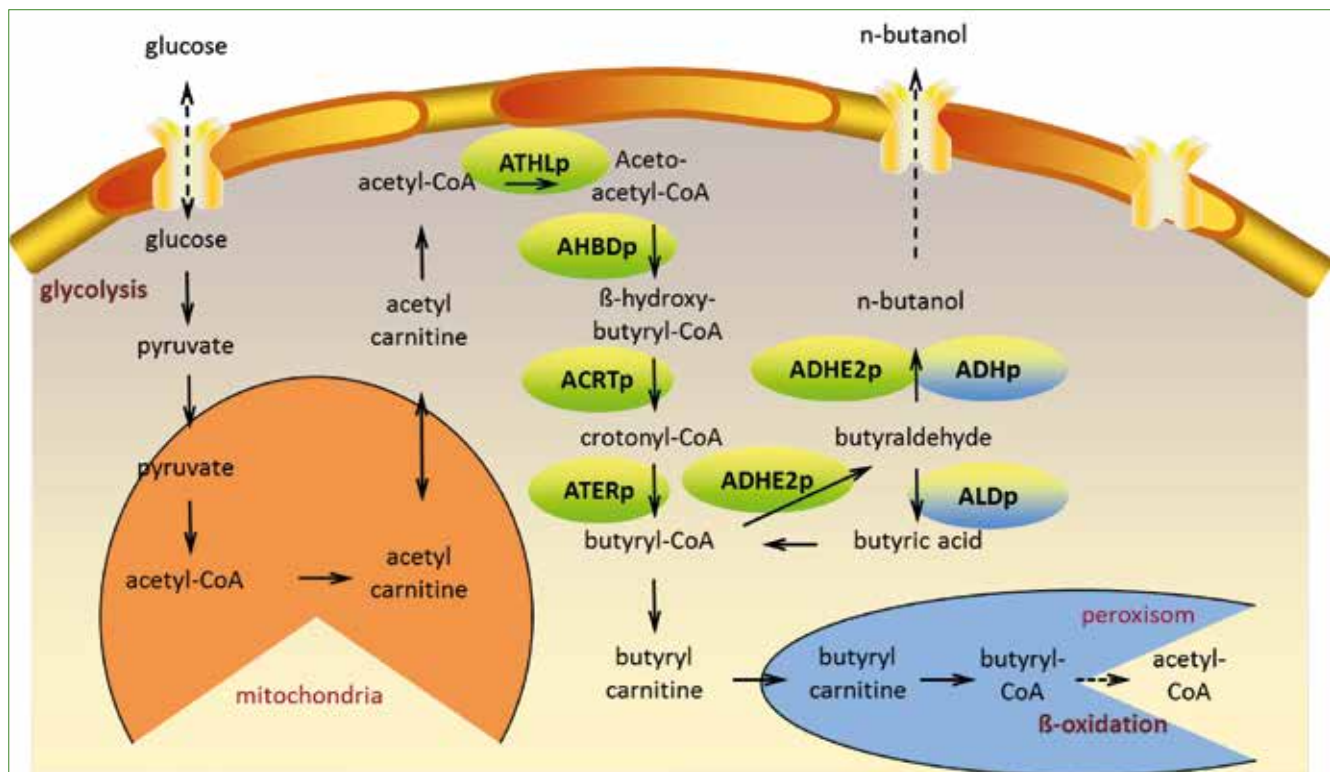
### Goals

The research interests of the Yeast Genetics group focus on non-pathogenic yeast species like *Arxula adenivorans*, *Hansenula polymorpha* and *Saccharomyces cerevisiae*. They are applied for the production of different recombinant proteins used by the **chemical industry, for the degradation of plastics** or to disintegrate **lignocelluloses containing materials**. They can also serve as **gene-donor, biocatalyst** for novel biotechnologi-

cal products or the **bioaccumulation of noble metals** and **rare earth elements**. As microbial component in **biosensors** they are used for the analysis of waste water, urine and blood as well as for the monitoring of feed and food and for medical research. Furthermore, yeast cells as simple eukaryotes serve as model organisms to study **osmo- and salt-tolerance** to identify genes suitable to increase tolerance in plants consequently improving the quality of final goods. Moreover, **arbuscular mycorrhizal fungi (AMF)** are in the centre of interest to analyse and optimise **fungus – plant root interactions** and to eventually produce AMF proteins advancing plant growth under stress conditions.

### Research Report

*Arxula adenivorans* is a versatile non-pathogenic organism for basic and applied research. It is a very useful tool in biotechnological applications due to its remarkable characteristics. It utilizes a broad range of sole carbon and nitrogen sources, exhibits a temperature-dependent dimorphism, is extremely thermo-, osmo- and salt tolerant and shows excellent growth and secretion characteristics. The genome of *Arxula* is completely sequenced and annotated enabling to explore and exploit new pathways such as the **metabolism of n-butanol, tannic acid, purine and xylose**. Furthermore *A. adenivorans* is used as host for the synthesis of special products such as recombinant glycosylated secretory proteins. It serves as a suitable biocatalyst for the synthesis of biotechnologically interesting products like **n-butanol, 2,3-butandiol** and **poly-(hydroxy butyrate – hydroxyvaterate) copolymers** because all essential prerequisites and components for heterologous gene expression are available. Many special methods have been established (**transformation/expression platform Xplor<sup>2</sup>, gene disruption, protoplast fusion, mitotic segregation**) and industrial strains were constructed. The resulting strains produce **recombinant glycosidases to substitute chemical synthesis steps by biochemical steps** and **recombinant alcohol dehydrogenases** to produce **enantiomerically pure alcohols** (1). Other strains synthesize the **protein glomalin** as potential formulation additive, soil conditioner and product for the pharmacology (2). There are also strains available to improve **biogas production and feed quality of organic materials** as well as for the degradation of **plastics** (3). In order to establish an enzymatic procedure for the production of food with low purine content (4) all genes of the purine degradation pathway (purinenucleotide phosphorylase, adenine deaminase, xanthine oxidase, guanine deaminase, urate oxidase) have been isolated and over expressed in *A. adenivorans* in a transgenic approach to make the recombinant enzymes available in high concentrations. Such recombinantly produced enzymes were successfully applied to lower the purine content of beef extract and ham (collaboration with ASA Spezialenzyme GmbH Wolfenbüttel).



**Fig. 43**

Schematic overview of the n-butanol synthesis and n-butanol degradation pathways in *Arxula adeninivorans*.

After the extracellular degradation and transport of the resulting glucose in the yeast cell the central cytoplasmic localized substrate for the n-butanol syntheses, acetyl-CoA, is formed via pyruvate and a carnitine shuttle. Since the yeast wild type strain is not able to synthesize n-butanol, a bacterial gene cascade was inserted in the *Arxula* genome which enables the condensation of two acetyl-CoA molecules to acetoacetyl-CoA by recombinant acetyl-CoA-acetyl transferase (Thlp) with subsequent reduction to  $\beta$ -hydroxybutyryl-CoA by recombinant  $\beta$ -hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase (Hbdp). The last pathway steps include crotonase (Crtp) and butyryl-CoA dehydrogenase (Terp) as recombinant enzymes to transform  $\beta$ -hydroxybutyryl-CoA via crotonyl-CoA to butyryl-CoA. Final n-butanol is synthesized in two steps via butyraldehyde by the alcohol dehydrogenase AdhE2p.

In parallel the *A. adeninivorans* wildtype strain is able to use n-butanol as carbon source. Genome mining suggests that n-butanol is first oxidized to butyraldehyde by an alcohol dehydrogenase (Aadh2p) and further oxidized to butyric acid by two aldehyde dehydrogenases (Aaldp). The last steps involve an acyl-CoA ligase (Aac1p), a cytoplasmic acyl-CoA carnitine acyltransferase (Aaca1), an acyl transferase (Aatrp) and a peroxisomal acyl-CoA carnitine acyltransferase (Aaca2p) for butyryl-carnitine synthesis via a butyryl-CoA intermediate that is transported from the cytoplasm to peroxisomes or mitochondria for  $\beta$ -oxidation. A special feature of this pathway is the synthesis of butyryl-CoA from butyraldehyde as a one-way reaction since the aldehyde dehydrogenase and butyryl-CoA hydrogenase steps are not reversible (U. Hähnel, J. Riechen, R. Bode – University Greifswald).

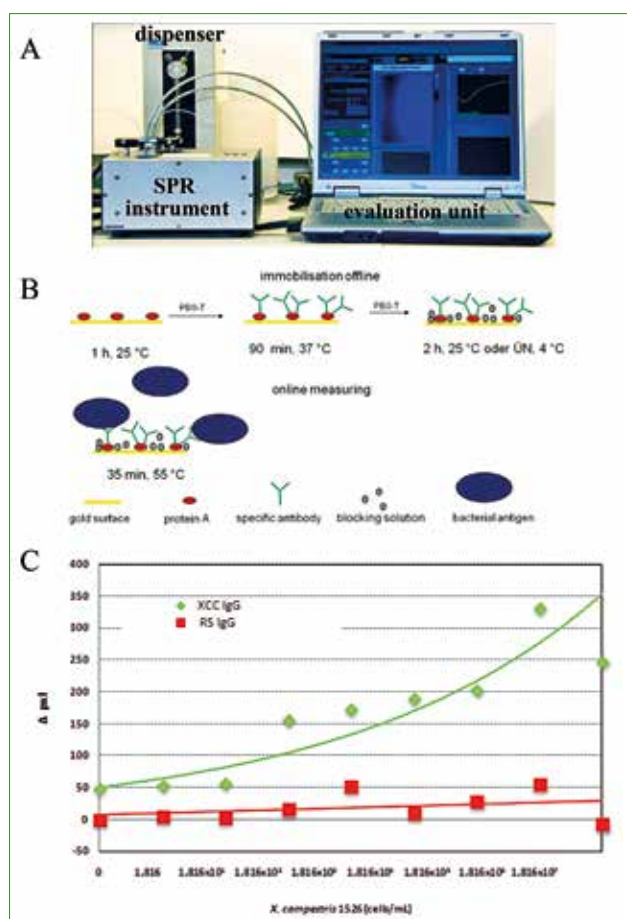
Another biotechnological application of *Arxula* cells is its use as **biocatalyst of a microbial fuel cell (MFC)** which produces high levels of the reduced molecule uric acid to shuttle electrons from the cell to the electrode. Hence, it may serve as an alternative for conventional energy production in the future (D. Jankowska, A. Trautwein-Schult, J. Kasprzak, M. Schwarz, U. Hähnel, J. Riechen, K. Florschütz, S. Worch, M. Rauter, F. Bischoff, A. Prokoph, A.K. Behrens, A. Kahlo, K. Baronian – see Fig. 43).

Investigations in the field of **osmo- and salt tolerance** are performed within the intergroup project "Molecular analysis of salt tolerance in barley". This group focuses on the **key pathways** for osmo- and salt tolerance and on the identification of **compatible solutes** in barley and yeast. Barley and *A. adeninivorans* cDNA sequences encoding for proteins improving osmo- as well as salt tolerance were identified by complementation of the osmo- and salt sensitive yeast *Saccharomyces cerevisiae*. The candidate molecules like horcolin, compounds of the HOG pathway and compatible solutes are currently functionally analysed using the IPK patented wide range expression/transformation platform Xplor<sup>2</sup> for their parallel expression in *A. adeninivorans*, *Hansenula polymorpha* and *S. cerevisiae* (S. Worch, U. Hähnel,

J. Riechen, M. Giersberg, P. Mock - group Applied Biochemistry, M. Melzer – group Structural Cell Biology).

Yeasts are also used as **microbial sensor compound for the detection of hormone activities (estrogenic, androgenic, gestagenic, glucocorticoidic activities), dioxins as well as pharmaceuticals** in tap water, mineral water, waste water, urine and blood serum. Sensors are based on recombinant *A. adeninivorans* cells which include the respective human receptors (hER $\alpha$ , hAR, hPR, hGR, hAHR/hARNT, hPXR/hRXR, hCAR/hRXR) and are designed as estrogen/androgen/progesterone/glucocorticoid/ dioxin/pharmaceutical screen assays with biochemical measurement as well as microbial biosensors with an amperometric detection method. The **estrogen and androgen screen assay (A-YES and A-YAS assay)** have been validated detection limits of approx. 0.5 ng l<sup>-1</sup> for 17  $\beta$ -estradiol (E2) and 80 ng l<sup>-1</sup> for 5 $\alpha$ -dihydrotestosterone (DHT). First assays (A-YES<sup>®</sup>\_aqua, A-YAS<sup>®</sup>\_aqua, A\_YES<sup>®</sup>\_aqua\_salutaris) based on these sensor compounds are already commercialized. In parallel, a receptor functionalized microchip based on the **surface plasmon resonance technique** was established detecting receptor-ligand interactions. The respective receptors





**Fig. 44**  
 Multiplex assay for detection of phytopathogenic bacteria.  
**(A)** The bacteria-antibody assay is based on a surface plasmon resonance (SPR) platform with SPR instrument including SPR chip, dispenser and the evaluation unit.  
**(B)** Prior to the detection the gold surface of the SPR-chip was pre-treated with protein A as a linker to immobilize the respective phytopathogenic bacteria antibody. After a blocking step to avoid unspecific bindings of non-bacterial compounds on the gold surface the online measuring takes place in a one-channel fluidic cell. Herein, the immobilized antibodies bound the bacterial antigens that cause changes of thickness on top of the chip surface and therefore a change of the refractive index. Thus, the angle of incidence towards stimulating the surface plasmon's and decreasing reflection are changed. The reflected light leaves the SPR chip as collimated light and is observed by a CCD camera. The minima are detected, differences and shifts of minima are calculated by a specific software.  
**(C)** Application of the Multiplex assay to detect *Xanthomonas campestris*. The phytopathogenic bacteria *X. campestris* and *Ralstonia solanacearum* (control) were pre-treated by an ultrasonic control unit and used directly as sample for the SPR measurement with chips functionalized by anti-*X. campestris*-antibodies. The measuring platform achieved a detection limit of  $1.86 \times 10^2$  cells per mL which is 10-times more sensitive than the respective standardized ELISA (A. Schröter, K. Florschütz, F. Sonntag – Fraunhofer-Institut für Werkstoff- und Strahltechnik [IWS]).

are recombinantly produced using the Xplor<sup>2</sup> transformation/ expression platform in yeast (M. Giersberg, Pham Thi Minh Ha, Nguyen Sy Nguyen, T. Gerlach, A. Chamas, A. Nieter, V. Richter).

Beside yeasts, **arbuscular mycorrhizal fungi (AMF)** are in focus of the research group. They are able to establish a symbiotic relationship with 70 - 90 % of land plant species and obviously, this interaction has a major impact on the entire soil ecosystem. They improve the uptake of phosphorus and nitrogen by the plants, improve salt and drought tolerance and are essential to protect plants from root pathogens. Since environmental conditions influence the composition of the AMF population, a set of **autochthone AMP's** were selected from different

places in Germany and subsequently taxonomically classified. This compilation was the basis to establish **in vivo and in vitro AMP lines** as cadre of a strain collection of autochthone AMP's. In first experiments the selected *in vivo* and *in vitro* AMP lines were successfully applied to improve the quality of potatoes, which are cultivated on soil with low land value. Biosensors based on DNA-DNA and DNA-RNA hybridization, as well as antibody-antigen interaction were developed and adapted for taxonomic analysis of AMF, for the identification and classification of mycorrhiza residing on plant roots and the detection of **phytopathogenic RNA viruses and bacteria** on barley, potato and different *Brassica* species (G. Oswald, J. Kremp, A. Schröter, K. Florschütz, S. Stegmann, A. Malak – see Fig. 44).

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- BORRERO, J., G. KUNZE, J.J. JIMÉNEZ, E. BÖER, L. GÚTIEZ, C. HERRANZ, L.M. CINTAS & P.E. HERNÁNDEZ: Cloning, production and functional expression of the bacteriocin enterocin A, produced by *Enterococcus faecium* T136, by the yeasts *Pichia pastoris*, *Kluyveromyces lactis*, *Hansenula polymorpha* and *Arxula adenivorans*. Appl. Environ. Microbiol. 78 (2012) 5956-5961.
- CHELKANI, V., A.J. DOWNARD, G. KUNZE, R. GOONERATNE, N. PASCO & K.H.R. BARONIAN: Investigating yeast cell responses to estrogen by electrochemical detection. Electrochimica Acta 73 (2012) 136-140.
- GIERSBERG, M., A. DEGELMANN, R. BODE, M. PIONTEK & G. KUNZE: Production of a thermostable alcohol dehydrogenase from *Rhodococcus ruber* in three different yeast species using the Xplor<sup>2</sup> transformation/expression platform. J. Ind. Microbiol. Biotechnol. 39 (2012) 1385-1396.
- JUNKER, A., G. MÖNKE, T. RUTTEN, J. KEILWAGEN, M. SEIFERT, T.M. THI, J.P. RENOU, S. BALZERGUE, P. VIEHOVER, U. HÄHNEL, J. LUDWIG-MÜLLER, L. ALTSCHMIED, U. CONRAD, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: Elongation-related functions of Leafy Cotyledon 1 during the development of *Arabidopsis thaliana*. Plant J. 71 (2012) 427-442.
- MÖNKE, G., M. SEIFERT, J. KEILWAGEN, M. MOHR, I. GROSSE, U. HÄHNEL, A. JUNKER, B. WEISSHAAR, U. CONRAD, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Towards the identification and regulation of the *Arabidopsis thaliana* ABI3-regulon. Nucleic Acids Res. 40 (2012) 8240-8254.
- PHAM, T.M.H., M. GIERSBERG, S. UHLIG, G. HANKE, K. SIMON, K. KUNATH, K. BARONIAN & G. KUNZE: EstraMonitor – a monitor for amperometric detection of estrogenic activity with *Arxula adenivorans* yeast cells as the biocomponent. Sensors Actuators B: Chemical 161 (2012) 137-145.
- SEDZIELEWSKA, K.A., E. BÖER, C. BELLEBNA, T. WARTMANN, R. BODE, M. MELZER, K. BARONIAN & G. KUNZE: Role of the *AFRD1* encoded fumarate reductase in hypoxia and osmotolerance in *Arxula adenivorans*. FEMS Yeast Res. 12 (2012) 924-937.
- SEDZIELEWSKA, K.A., K. VETTER, R. BODE, K. BARONIAN, R. WATZKE & G. KUNZE: *GIFRD* encodes a protein involved in anaerobic growth in the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus intraradices*. Fungal Genet. Biol. 49 (2012) 313-321.

**2013**

- ÁLVARO-BENITO, M., M. FERNÁNDEZ-LOBATO, K. BARONIAN & G. KUNZE: Assessment of *Schwanniomyces occidentalis* as a host for protein production using the wide-range Xplor<sup>2</sup> expression platform. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 97 (2013) 4443-4456.
- FLORSCHÜTZ, K., A. SCHRÖTER, S. SCHMIEDER, W. CHEN, P. SCHWEIZER, F. SONNTAG, N. DANZ, K. BARONIAN & G. KUNZE 'Phytochip'- on-chip detection of phytopathogenic RNA viruses by a new surface plasmon resonance platform. *J. Virol. Methods* 189 (2013) 80-86.
- JANKOWSKA, D.A., K. FAULWASSER, A. TRAUTWEIN-SCHULT, A. CORDES, P. HOFERICHTER, C. KLEIN, R. BODE, K. BARONIAN & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* recombinant adenine deaminase and its application in the production of food with low purine content. *J. Appl. Microbiol.* 115 (2013) 1134-1146.
- JANKOWSKA, D.A., A. TRAUTWEIN-SCHULT, A. CORDES, P. HOFERICHTER, C. KLEIN, R. BODE, K. BARONIAN & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* xanthine oxidoreductase and its application in the production of food with low purine content. *J. Appl. Microbiol.* 115 (2013) 796-807.
- LÜPKEN, T., N. STEIN, D. PEROVIC, A. HABEKUSS, I. KRAMER, U. HÄHNEL, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ZHOU, R. ARIYADASA, S. TAUDIEN, M. PLATZER, M. MARTIS, K. MAYER, W. FRIEDT & F. ORDON: Genomics-based high-resolution mapping of the BaMMV/BaYMV resistance gene *rym11* in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 126 (2013) 1201-1212.
- PHAM, T.M.H., K. KUNATH, L. GEHRMANN, M. GIERSBERG, J. TUERK, S. UHLIG, G.T. HANKE, K. SIMON, K. BARONIAN & G. KUNZE: Application of modified *Arxula adenivorans* yeast cells in an online biosensor for the detection of estrogenic compounds in wastewater samples. *Sensor. Actuat. B* 185 (2013) 628-637.
- RAUTER, M., M. SCHWARZ, K. BECKER, K. BARONIAN, R. BODE, G. KUNZE & H.M. VORBRODT: Synthesis of benzyl  $\beta$ -D-galactopyranoside by transgalactosylation using a  $\beta$ -galactosidase produced by the over-expression of the *Kluyveromyces lactis* LAC4 gene in *Arxula adenivorans*. *J. Mol. Catalysis B Enzymatic* 97 (2013) 319-327.
- TRAUTWEIN-SCHULT, A., D. JANKOWSKA, A. CORDES, P. HOFERICHTER, C. KLEIN, A. MATROS, H.P. MOCK, K. BARONIAN, R. BODE & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* recombinant urate oxidase and its application in the production of food with low uric acid content. *J. Mol. Microbiol. Biotechnol.* 23 (2013) 418-430.

**Books and Book Chapters****2012**

- GIERSBERG, M., K. FLORSCHÜTZ, K. BARONIAN & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* (*Blastobotrys adenivorans*) – an imperfect dimorphic yeast of biotechnological potential. In: SATYANARAYANA, T., B. JOHRI & A. PRAKASH (Eds.): *Microorganisms in sustainable agriculture and biotechnology*. Springer, Berlin-Heidelberg-New York (2012) 453-468.
- GIERSBERG, M., K. FLORSCHÜTZ, K. BARONIAN & G. KUNZE: Wide Range Yeast Expression System 'Xplor<sup>®</sup>' – an optimized transformation/expression system for recombinant protein production in yeasts. In: TIWARI, S.K. & B. SINGH (Eds.): *Current trends in biotechnology: principles and applications*. LAP Lambert Academic Publishing, Germany (2012) 3-26.

**Other Papers****2012**

- GEHRMANN, L., T.M.H. PHAM, C. PORTNER, M. GIERSBERG, G. KUNZE & J. TÜRK: *Arxula adenivorans* basierende Detektionssysteme zur summarischen Bestimmung von estrogen aktiven Substanzen in Kläranlagenabläufen. Proc. Wasser 2012 – Jahrestagung der Wasserchemischen Gesellschaft – Fachgruppe in der Gesellschaft. Deutscher Chemiker e.V., Neu-Ulm, 14.-16.05.2012 (ISBN 978-3-936028-71-3) (2012) 234-237.
- PORTNER, C., L. GEHRMANN, F. WIRTH, M.H. PHAM THI, M. GIERSBERG, J. TÜRK & G. KUNZE: Photometric and amperometric determination of estrogen activity in wastewater samples using *Arxula adenivorans* yeast cell systems. 23. Internationale Fachmesse für Instrumentelle Analytik, Labortechnik und Biotechnologie (Analytica) mit analytica conference, München 2012 (2012).

**PhD and Diploma Theses****2012**

- NIETER, A.: Untersuchungen zum Ligandenbindungsverhalten des humanen Progesteronrezeptors B im heterologen System Hefe. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2012) 98 pp.
- PHAM THI, M.H.: Amperometric detection of hormonal activity by a yeast cell biosensor. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2012) 143 pp.
- SASS, J.: Hefen als mikrobielle Biosensoren für den Nachweis von Pharmazeutika. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2012) 59 pp.
- ŚĘDZIELEWSKA, K.A.: A molecular approach to characterize arbuscular mycorrhizal fungus, *Glomus* sp. AMykor isolate. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2012) 114 pp.

**2013**

- BEHRENS, A.-K.: Modellierung und Simulation des Purin-Abbaus in der Hefe *Arxula adenivorans*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Köthen (2013) 69 pp.
- KALLA, K.: Die Untersuchung der Biosorption von Seltenen Erden an biologischen Komponenten. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2013) 85 pp. (Hochschulbetreuer aus dem IPK: Prof. G. Kunze, PD Dr. L. Altschmied).
- Kremp, J.: Artenbestimmung von autochthonen arbuskulären Mykorrhizapilzen (Bachelor Thesis) Hochschule Furtwangen (FH), Furtwangen (2013) 42 pp.
- PROKOPH, A.: *Lactobacillus brevis* - Alkoholdehydrogenase als Biokatalysator zur Herstellung von Enantiomeren reinen Alkoholen. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2013) 84 pp. (Hochschulbetreuer aus dem IPK: Prof. G. Kunze, Dr. U. Scholz).
- RICHTER, V.: Rekombinante Expression des hCAR-Gens in *Escherichia coli* und *Hansenula polymorpha*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2013) 63 pp. (Hochschulbetreuer aus dem IPK: Prof. G. Kunze, Dr. U. Scholz).

- TRAUTWEIN-SCHULT, A.: Purinarme Lebensmittel – Enzymatische Reduktion von Purinen in Lebensmitteln. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2013) 136 pp.
- Zoll, T.: Biotechnologische Stammoptimierung zur Steigerung der Syntheseleistung von n-Butanol in *Arxula adenivorans* (Bachelor Thesis) Hochschule Mittweida (FH), Mittweida (2013) 50 pp.

## Patents

### 2012

- KUNZE, G. & U. HÄHNEL: Production of butanol by fermentation. WO 2012/136826, Veröffentlichung: 11.10.2012, IPK-Nr. 2011/05.

## Research Group: Systems Biology (till 30.06.2013)

Head: Dr. Björn Junker (till 31.12.2012)

Prof. Nicolaus von Wirén (provisional 01.01.-30.06.2013)

### Scientists

#### IPK financed

Krach, Christian, Dr. (01.10.-31.12.2012; 01.03.-30.06.2013)

Kühling, Sophie, Dr. (0,50, 01.03.-30.06.2013)

Liiving, Tiina (0,50, 01.10.2012-30.06.2013)

#### Grant Positions

Baker, Syed Murtuza (0,50/1,00 BMBF, till 31.12.2012)

Franke, Mathias (0,50 BMBF, till 30.09.2012)

Hüge, Jan, Dr. (BMBF, till 31.12.2012)

Krach, Christian, Dr. (BMBF, till 30.09.2012; 01.01.-28.02.2013)

Kühling, Sophie, Dr. (0,50 BMBF, till 30.06.2012)

Liiving, Tiina (0,50 BMBF, till 30.09.2012)

Poskar, Hart, Dr. (Industry, till 31.01.2013; BMBF, 01.02.-30.06.2013)

#### Visiting Scientists

Franke, Mathias (self-financed, 21.11.2012-30.06.2013)

Hüge, Jan, Dr. (self-financed, 01.01.-30.06.2013)

Junker, Björn, Prof. (self-financed, 01.01.-30.06.2013)

### Goals

Understanding the dynamics of plant metabolic pathways, especially in seeds of crop plants, by a combination of computer modeling and biochemical analysis.

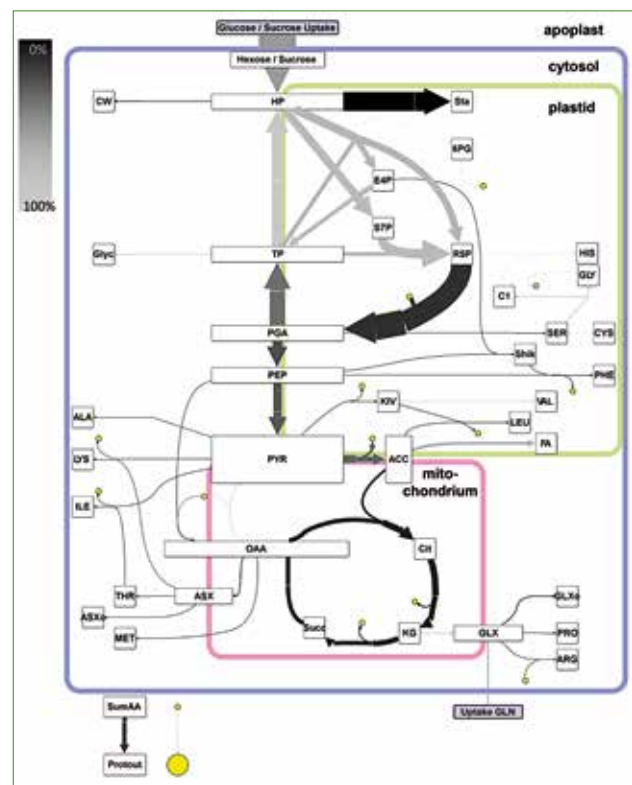
### Research Report

The major scientific focus of the group is the **metabolism of plant seeds**, which is investigated by applying systems biology methods. **Mathematical models** of metabolism are designed, and the **experimental data** necessary for these models are generated. Thus, the work is shared at approximately equal parts into experimental methods for data generation and theoretical methods for data processing and prediction.

The group was funded by a 5-year **BMBF** grant as a **FORSYS-Partner Junior Research Group** starting in Juli 2008. Several state-of-the-art methods for analysis and modelling of metabolism have been established and productively applied. The main method is steady-state **metabolic flux analysis**, in which computational models of plant metabolism are enriched by stable isotope labelling data obtained in the lab. This method has been applied to investigate metabolic processes taking place at the filling stage in **legume seeds**, especially pea (*Pisum sativum*) and barrel medic (*Medicago truncatula*), as well as

**cereal seeds**, above all barley (*Hordeum vulgare*) and rice (*Oryza sativa*).

For steady-state metabolic flux analysis several experimental and computational parts of the method had to be established in the group: embryo cultures, stable isotope feeding experiments and sample preparation (N. Schäfer, F. Kellner, L. Fichtmüller), analysis by GC-MS (J. Hüge), automatic data extraction and correction for natural isotope abundance (C.H. Poskar, M. Franke), as well as model development for primary metabolism in pea and Medicago (C. Krach). The resulting flux maps cover large parts of primary metabolism and resolve cyclic and parallel fluxes (see Fig. 45). We have generated flux maps for several pea lines with genetic modifications in primary metabolism.



**Fig. 45** Central metabolic fluxes of *Brassica napus* seeds. Data from steady-state  $^{13}\text{C}$  Metabolic Flux Analysis were automatically visualized on a pre-drawn map with the tool FluxMap. Arrow thickness is proportional to carbon flux, and the 95 % confidence interval (in % of the flux value) is shown as a grey scale. Small yellow circles are intracellular  $\text{CO}_2$ , the large yellow circle represents the  $\text{CO}_2$  in the environment, and the arrow between these circles shows the exchange flux between these  $\text{CO}_2$  pools. 6PG, 6-phosphogluconate; ACC, acetyl-CoA; ASX, sum of Asp and Asn; ASXo, ASX for protein synthesis; C1, methyl group transferred by tetrahydrofolate; Cit, citrate; CW, cell wall; E4P, erythrose-4-phosphate; FA, fatty acids; GLX, sum of Gln and Glu; GLXo, GLX for protein synthesis; Glyc, glycerol; HP, hexose phosphates; KG, ketoglutarate; KIV, ketoisovalerate; OAA, oxaloacetate; PGA, glyceraldehyde-3-phosphate; Prot out, storage protein; PYR, pyruvate; R5P, sum of ribose- and ribulose-5-phosphate; S7P, seduheptulose-7-phosphate; Shik, shikimate; Sta, starch; Succ, succinate; SumAA, sum of all proteinogenic amino acids; TP, triose phosphates.

Due to the highly complex and laborious nature of steady-state metabolic flux analysis, in the past the method has been applied to a small number of genotypes or treatments (usually not more than 3 per study). We have significantly increased the throughput of the method by using lab automation, simplifying the laboratory protocols, and automating the computational pipeline from data extraction to flux modelling. This increased throughput enabled us to analyze metabolic fluxes in a population of 50 barley introgression lines. Fluxes were then compared to metabolic profiles that were additionally measured. This large data set is currently being prepared for publication.

Several stoichiometric and kinetic models have been set up for seed metabolism in different species (K. Schallau, S. Weber, K. Lotz, S.M. Baker), covering primary metabolism of the seeds. These models are constantly filled by experimental data, which are derived from metabolite and enzyme measurements (N. Schäfer, F. Kellner, V. Peter). For pea seeds, we have set up a non-aqueous technique to analyze metabolites and enzymes at a sub-cellular resolution (T. Liiving). For kinetic modelling, parameters that could not be measured may be estimated by a new computational pipeline for parameter identifiability analysis and parameter estimation with an improved algorithm tailored for biochemical data (S.M. Baker). With the help of the kinetic models, targets for metabolic engineering can be predicted to improve seed composition. We have generated several transgenic pea lines to verify the predicted strategies. These lines are currently analyzed.

Since January 2013 Björn Junker holds a permanent professorship at the Martin Luther University in Halle. The research group continued operation in Gatersleben until June 2013. The projects that could not be finished at the IPK will be pursued at University Halle-Wittenberg.

## Publications

### Peer Reviewed Papers

#### 2012

- HUEGE, J., C.H. POSKAR, M. FRANKE & B.H. JUNKER: Towards high throughput metabolic flux analysis in plants. *Mol. BioSyst.* 8 (2012) 2466-2469.
- POSKAR, C.H., J. HUEGE, C. KRACH, M. FRANKE, Y. SHACHAR-HILL & B.H. JUNKER: iMS2Flux – a high-throughput processing tool for stable isotope labeled mass spectrometric data used for metabolic flux analysis. *BMC Bioinformatics* 13 (2012) 295.
- ROHN, H., A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: FluxMap: A VANTED add-on for the visual exploration of flux distributions in biological networks. *BMC Syst. Biol.* 6 (2012) 33.
- SCHREIBER, F., C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, M. KLAPPERSTÜCK, U. SCHOLZ & S. WEISE: MetaCrop 2.0: managing and exploring information about crop plant metabolism. *Nucleic Acids Res.* 40 (2012) D1173-D1177.

#### 2013

- BAKER, S.M., C.H. POSKAR, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: An improved constraint filtering technique for inferring hidden states and parameters of a biological model. *Bioinformatics* 29 (2013) 1052-1059.
- GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, A. ESCHENRÖDER, J. MÜLLER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Multiscale metabolic modeling: dynamic flux balance analysis on a whole plant scale. *Plant Physiol.* 163 (2013) 637-647.
- MÜLLER, J., A. ESCHENRÖDER, O. CHRISTEN, B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: Pro-Net-CN model: a dynamic and hierarchical process network that couples photosynthesis, primary carbon metabolism and effects of leaf nitrogen status. *Proc. 2012 IEEE 4<sup>th</sup> Int. Symp. Plant Growth Modeling, Simulation, Visualization and Applications – PMA* (2013) 289-296.

### Books and Book Chapters

#### 2012

- GRAFAHREND-BELAU, E., B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: Plant metabolic pathways: Database and pipeline for stoichiometric analysis. In: AGRAWAL, G.K. & R. RAKWAL (Eds.): *Seed development: omics technologies toward improvement of seed quality and crop yield*. Springer, Dordrecht, The Netherlands (2012) 345-366.
- JUNKER, A. & B.H. JUNKER: Synthetic gene networks in plant systems. In: WEBER, W. & M. FUSSENEGGER (Eds.): *Synthetic gene networks: Methods and Protocols*. Meth. Mol. Biol. 813. Humana Press, New York (2012) 343-358.
- KRACH, C., E. GRAFAHREND-BELAU, H. POSKAR, K. SCHALLAU, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Using systems approaches to analyze metabolic networks involved in storage reserve synthesis in developing seeds. In: AGRAWAL, G.K. & R. RAKWAL (Eds.): *Seed development: omics technologies toward improvement of seed quality and crop yield*. Springer, Dordrecht, The Netherlands (2012) 387-406.

#### 2013

- JUNKER, B.H. & S. KEMPA: Isotope-based, non-steady state flux analysis. In: DUBITZKY, W., O. WOLKENHAUER, K.-H. CHO & H. YOKOTA (Eds.): *Encyclopedia of Systems Biology*. Springer Science+Business Media, LLC (2013) 1056-1057.

### Other Papers

#### 2013

- FRANKE, M., J. HÜGE, P. TABLACK & B.H. JUNKER: Messung von intrazellulären Stoffflüssen in Pflanzen. *BIOspektrum* 19 (2013) 690-693.

## PhD and Diploma Theses

### 2012

BAKER, S.M.: A parameter estimation framework for kinetic models of biological systems. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2012) 150 pp.

KUMPF, A.: Homologe Gene des *Brittle1-transporters* in *Pisum sativum*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2012) 68 pp. (Hochschulbetreuer aus dem IPK: Prof. G. Kunze, Dr. U. Scholz).

### 2013

FREIER, L.: Dynamic metabolic flux analysis (DMFA) applied to the Calvin cycle of *Nicotiana tabacum*. (Master Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Magdeburg (2013) 116 pp.

KLEPSCH, O.: Bedeutung des Lichts im Metabolismus ADP-Glukose Pyrophosphorylase-defizienter Erbsen (*Pisum sativum*) während der Samenentwicklung. (Bachelor Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Magdeburg (2013) 72 pp.

SCHUMANN, J.: Der Einfluss von Alanin auf die Berechnung von quantitativen Stoffwechselkarten in Erbsen-Embryos. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2013) 99 pp.

VELTEN, S.: Methodische Erweiterung der metabolischen Flussanalyse im steady state (ssMFA) zur Gewinnung von <sup>13</sup>C-Markierungsinformationen aus löslichen Stoffwechselintermediaten. (Bachelor Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Magdeburg (2013) 172 pp.

## Research Group: Metalloid-Transport (since 01.05.2013) (Emmy Noether Group, DFG)

Head: Dr. Gerd Patrick Bienert

### Scientists

#### Grant Positions

Diehn, Arvid (0,65 DFG, since 15.09.2013)

Pommerrenig, Benjamin, Dr. (DFG, since 01.10.2013)

### Goals

The main objective of the research group “Metalloid Transport” is to study the mechanisms regulating the boron (B) nutritional status in rapeseed and *Arabidopsis* and their implications for the development of boron-efficient genotypes.

### Research Report

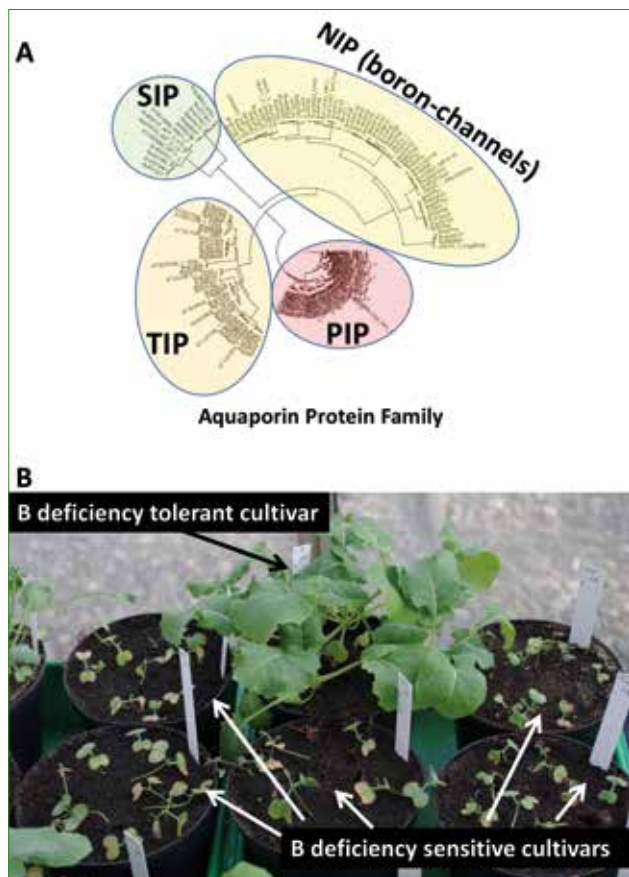
The DFG-funded Emmy Noether research group “Metalloid Transport” was successfully established at the IPK. Team members have been recruited and the laboratory space was set up and equipped. The research group, which is now fully operational was initiated to study the mechanisms regulating the boron (B) nutritional status in rapeseed and *Arabidopsis* and their implications for the development of boron-efficient genotypes. The project addresses the question of how B deficiency-sensitive *Brassica* crop plants process and regulate their B status during vegetative and reproductive growth. In this context, **the project aims at identifying the mode of action of B in mechanisms regulating the B status itself and uncovering those mechanisms contributing to B efficiency in different genotypes.** A detailed understanding of mechanisms controlling B uptake and allocation from the level of the whole plant down to the cellular level will be established. The above outlined work will expand the scope of the research in the “Molecular Plant Nutrition” group and complement their research direction to generate a situation of mutual benefit. We focus on the identification of B deficiency-sensitive transport processes to and within highly B-demanding reproductive organs. A certain subgroup of Nodulin26-like Intrinsic Proteins (NIPs) is essential for plant B uptake and distribution. The systematic focus on the **molecular and physiological characterization of *Brassica napus* NIPs** will clarify their role in the B response network in this plant species (A. Diehn, B. Pommerrenig, see Fig. 46 A, p. 150). To this aim, and as the genomic sequence of *B. napus* is not publicly available yet, sequence information and EST data from *Arabidopsis thaliana*, *Brassica rapa*, *Brassica oleracea* and

*B. napus* were analysed to design specific primers allowing the cloning of the complete set of BnNIP isoforms. Sixteen out of 27 expected isoforms were successfully cloned and their full-length gene sequences determined. This information is used at the moment to determine the genomic sequence of *BnNIPs* with a specific focus on promoter regions which will be used for promoter-reporter-gene analysis. In parallel, we prepare a set of molecular tools and vectors which will be used for the analysis of the substrate specificity of BnNIPs *in planta*, in the heterologous expression systems *Saccharomyces cerevisiae* and in *Xenopus laevis* oocytes, as well as for the determination of their subcellular localisation (in cooperation with the research group Structural Cell Biology).

To resolve the mostly unknown **impact of the B nutritional status on gene regulation and metabolism**, a transcript and metabolite profile of B-sufficient and B-deficient oilseed and *A. thaliana* plants will be generated in cooperation with the research groups Applied Biochemistry and Molecular Plant Nutrition.

Together with the group of Molecular Plant Nutrition, we aim at identifying transcription factors (TF), which coordinate B transport processes, perception and regulation. An elemental analysis of a TF knockout collection of *Arabidopsis* was performed with plants grown on B-sufficient conditions. Six lines carrying insertions in to date non-characterized TFs possess either at least 25 % higher or lower B levels than the wild type. These measurements will be repeated and the role of individual TFs in B nutrition analysed (R. Giehl, B. Pommerrenig).

To establish a **screening platform for the selection of B-deficiency tolerant European rapeseed genotypes**, we established two independent screening conditions which on the one hand allow a phenotypic description of the B efficiency of a given cultivar at the seedling stage in soil conditions and on the other hand the quantitative assessment of B efficiency via the evaluation of parameters describing the rapid root growth inhibition under B deficiency (Fig. 46 B). These assays were established and assessed using European and Asian rapeseed cultivars known to differ in B-efficiency. The Genebank Department at the IPK provided a highly valuable collection for such a screen. Between the two most divergently behaving cultivars to be identified (with respect to their response to the B treatment), a detailed qualitative comparison of B transport routes/parameters and molecular B transport mechanisms will be performed under different B regimes. This will allow to determine the **qualitative and mechanistic B uptake and allocation differences between B-efficient and -inefficient *B. napus* cultivars** (G.P. Bienert, B. Pommerrenig).



**Fig. 46**  
Putative boron transporters and mechanisms regulating the boron nutritional status in *Brassica napus*.

**A)** Genome-wide sequence identification of aquaporin genes in the sequenced diploid genomes of *Brassica oleracea* and *Brassica rapa*, the genome donors of the tetraploid *Brassica napus*. These sequence information contribute to the identification of putative boron channel proteins (Nodulin26-like Intrinsic Proteins) in *B. napus* (NIP, Nodulin26-like Intrinsic Protein; TIP, Tonoplast Intrinsic Protein; SIP, Small basic Intrinsic Protein and PIP, Plasma membrane Intrinsic Protein).

**B)** A large number of cultivars of summer and winter-type oilseed rape were cultivated on boron-deficient soil substrate. Some of these cultivars showed almost no growth inhibition compared to boron-sufficient conditions and displayed no typical boron deficiency symptoms such as malformed leaves or the loss of the apical dominance. Genetic parameters as well as molecular and physiological mechanisms underlying the differences of the B-efficient and -inefficient *B. napus* cultivars will be determined (A. Diehn, B. Pommerrenig).

Boron (in form of boric acid) and arsenite (As) share the same proteinaceous NIP-mediated transport pathways. To assess the consequences of this dual transport pathway, the so far unstudied **impact of the plant's B nutritional status on the accumulation and distribution of As will be investigated**. To this aim, publicly available *Arabidopsis nip* knockout mutants were collected to investigate the molecular and physiological responses of these mutant lines under varying metalloid treatments. Furthermore, databases and publications were analysed aiming to identify *Arabidopsis* WT accessions which either possess very low or very high B and As levels compared to "average accessions". These publically available data will be confirmed and the molecular mechanisms underlying the differential metalloid acquisitions will be studied (G.P. Bienert).

Additionally, the following cooperations with other research groups within the IPK will be pursued:

- Pollen embryogenesis, germination and elongation is highly dependent on sufficient B supply of the reproductive organs. Together with the research group "Plant Reproductive Biology" this phenomenon will be further elucidated.
- B deficiency leads to morphological changes due to an impaired cell elongation and differentiation which will be analysed in cooperation with the research group "Structural Cell Biology".

## Publications

(All publications are based on work that has been carried out when Dr. Gerd Patrick Bienert was at the Institut des Sciences de la Vie, Université Catholique de Louvain in Louvain-la-Neuve/Belgium).

## Peer Reviewed Papers

### 2013

BIENERT, G.P., B. DESGUIN, F. CHAUMONT & P. HOLS: Channel-mediated lactic acid transport: a novel function for aquaglyceroporins in bacteria. *Biochem. J.* 454 (2013) 559-570.

## Books and Book Chapters

### 2013

BIENERT, G.P. & F. CHAUMONT: Selenium and aquaporins. In: KRETSINGER, R.H., V.N. UVERSKY & E.A. PERMYAKOV (Eds.): *Encyclopedia of Metalloproteins*. Springer, New York (2013) 1891-1893.

BIENERT, G.P. & F. CHAUMONT: Boron and aquaporins. In: KRETSINGER, R.H., V.N. UVERSKY & E.A. PERMYAKOV (Eds.): *Encyclopedia of Metalloproteins*. Springer, New York (2013) 291-294.

BIENERT, G.P. & F. CHAUMONT: Arsenic and aquaporins. In: KRETSINGER, R.H., V.N. UVERSKY & E.A. PERMYAKOV (Eds.): *Encyclopedia of Metalloproteins*. Springer, New York (2013) 101-106.

BIENERT, G.P. & F. CHAUMONT: Silicon and aquaporins. In: KRETSINGER, R.H., V.N. UVERSKY & E.A. PERMYAKOV (Eds.): *Encyclopedia of Metalloproteins*. Springer, New York (2013) 1979-1982.

CHAUMONT, F. & G.P. BIENERT: Aquaporins and transport of metalloids. In: KRETSINGER, R.H., V.N. UVERSKY & E.A. PERMYAKOV (Eds.): *Encyclopedia of Metalloproteins*. Springer, New York (2013) 92-94.



## Datenbanken und Web-Informationssysteme/ Databases and Web Information Systems

- AREND, D., LANGE, M., COLMSEE, C., FLEMMING, S., CHEN, J., & SCHOLZ, U.: e!DAL-MetaData-API – store cite and share primary data. <http://edal.ipk-gatersleben.de>.
- CHEN, D., M. CHEN & C. KLUKAS: Phenomics collaboration website. <http://phenomics.cn>.
- COLMSEE, C., KELLER, E.R.J., OPPERMANN, M., SENULA, A., ZANKE, C., FUNKE, T., WEISE, S. & SCHOLZ, U.: EURALLIVEG Garlic and Shallot Core Collection (GSCC). [http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic\\_resources/gsc](http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic_resources/gsc).
- CZAUDERNA, T. & F. SCHREIBER: SBGN-ED. <http://www.sbg-ed.org>.
- DEHMER, K. & U. SCHOLZ: Wild and cultivated potato species – GLKS passport and evaluation data. Genebank satellite collections Gross Luesewitz. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/potato/index.html>
- FREYTAG, U. & H. KNÜPFER: Secondary evaluation of accessions of the genebank Gatersleben. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/eval/eval.html>.
- FRITSCH, R.M.: *Allium* Database. <http://www.ipk-gatersleben.de/en/gbisipk-gaterslebendegbis-i/special-collections/allium-review/>.
- FRITSCH, R.M. & S. WEISE: Taxonomic *Allium* Reference Collection. [http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic\\_resources/allium](http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic_resources/allium).
- KELLER, E.R.J. & M. OPPERMANN: The ECPGR European *Allium* Database. <http://ealldb.ipk-gatersleben.de>.
- KELLER, E.R.J., C. ZANKE & U. SCHOLZ: EURALLIVEG – Vegetative *Allium*, Europe's Core Collection, Safe and Sound. <http://eural-liveg.ipk-gatersleben.de>.
- KLUKAS, C., D. CHEN & J.-M. PAPE: IAP – The Integrated Analysis Platform for High-Throughput Plant Phenotyping. <http://iap.ipk-gatersleben.de>.
- KNÜPFER, H., S. WEISE & M. OPPERMANN: ECPGR European Barley Database. [http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia\\_faba\\_catalogue](http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia_faba_catalogue).
- LANGE, M., J. CHEN & U. SCHOLZ: LAILAPS – The Life Science Search Engine. <http://lailaps.ipk-gatersleben.de>.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE, K. FÖRSTER & M.S. RÖDER: Association mapping and marker development of the candidate genes (1->3), (1->4)- $\beta$ -D-Glucan-4-glucanohydrolase and (1->4)- $\beta$ -Xylanendohydrolase 1 for malting quality in barley. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/glb>, <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/X-1> & <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/Phendat>.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE & M.S. RÖDER: Association of haplotype diversity in the  $\alpha$ -amylase gene *amy1* with malting quality parameters in barley. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/alpha-amylase>.
- OCHSMANN, J., N. BIERMANN, R. NARANG, M. OPPERMANN & H. KNÜPFER: Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Crops (including Rehm's Database of Useful Tropical and Subtropical Plants). <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/>.
- OCHSMANN, J. & R. NARANG: TaxCat2 – Database of Botanical Taxonomic Categories <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/tax-cat2/>.
- OCHSMANN, J., R. NARANG & H. KNÜPFER: IPK Genebank and Taxonomy Image Database. [http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/imagedata/search\\_names-img.htm](http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/imagedata/search_names-img.htm).
- OPPERMANN, M.: IPK Malchow/Poel Wetterdaten – weather information. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=271>.
- OPPERMANN, M. & J. GRÄSSLER: IPK Gatersleben Wetterdaten – weather information. <http://wetter.ipk-gatersleben.de/>.
- OPPERMANN, M. & H. KNÜPFER: GBIS/I – Genebank Information System of the IPK Gatersleben. <http://gbis.ipk-gatersleben.de/>.
- PISTRICK, K., J. OCHSMANN & R. NARANG: Herbarium IPK Gatersleben. <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/herbarium/Default.htm>.
- ROHN, H., A. JUNKER, A. HARTMANN, E. GRAFAHREND-BELAU, H. TREUTLER, M. KLAPPERSTÜCK, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS & F. SCHREIBER: Vanted 2.0. <http://www.vanted.org>.
- SCHOLZ, U., C. KÜNNE, M. LANGE, H. MIEHE & T. FUNKE: CR-EST: a resource for crop ESTs. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/cr-est>.
- SCHREIBER, F., C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, D. KOSCHÜTZKI, U. SCHOLZ & S. WEISE: MetaCrop 2.0. <http://metacrop.ipk-gatersleben.de>.
- SCHUBERT, I. & S. WEISE: Catalogue of Chromosomal and Morphological Mutants of the Broad Bean, *Vicia faba*. [http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia\\_faba\\_catalogue](http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia_faba_catalogue)
- WEISE, S., U. SCHOLZ, M.S. RÖDER & I.E. MATTHIES: MetaBrew: a comprehensive database of malting quality traits in brewing barley. <http://metabrew.ipk-gatersleben.de>.
- WILLNER, E., S. WEISE & M. OPPERMANN: The European *Poa* Database (EPDB). <http://poa.ipk-gatersleben.de>.

## Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)

Koordinator: Dr. habil. Patrick Schweizer

Das Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC; <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/>) des IPK erbrachte in den Jahren 2012 und 2013 Serviceleistungen für interne Nutzer und externe Kooperationspartner, diente als wissenschaftlich-technische Plattform am IPK und koordinierte das internationale Forschungsnetzwerk BarleyGenomeNet (<http://www.barley.net.org>) für Genomforschung der Gerste.

### 1. Service:

Das PGRC bietet momentan fünf Serviceleistungen für Nutzer im IPK an:

- Sanger-Sequenzierung von DNA-Einzelproben oder von multiplen Proben im 96-well Plattenformat (bis einige Tausend/Auftrag) auf dem Gerät ABI 3730, welches mit 96 Kapillaren bestückt ist (Verantwortlich: P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomic (PSG); Zuständig: Susanne König, Vertretung: Ines Walde).
- NGS unter Verwendung des HiSeq 2000 Geräts der Firma Illumina mit 8 flow cells. Bis auf Weiteres und bei Bedarf kann auch das Roche FLX (ehemals „454“-) System reaktiviert werden. Dieses wird im Rahmen von laufenden Genomsequenzierungsprojekten aber nicht mehr genutzt (Verantwortlich für HiSeq 2000: L. Altschmied/Arbeitsgruppe Heterosis; Zuständig: Ines Walde).
- Mittel- bis Hochdurchsatz SNP *genotyping* unter Verwendung des VeraCode-Systems der Firma Illumina und des SnapShot Systems der Firma Life Technologies in Kombination mit dem ABI 3730 Kapillargerät (Verantwortlich: P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik; Zuständig: Susanne König und Ines Walde).
- Populationsaufbau und -erhalt für Gerste, Weizen und (bei Bedarf) *Arabidopsis thaliana* (Verantwortlich: P. Schweizer/Ag PSG; Zuständig: Bettina Brückner, Vertretung: Sonja Gentz).
- Pflege von DNA-Klonbanken (vor allem EST) der Gerste und Herausgabe von EST Klonen und von binären Vektoren an interne und externe Nutzer, wobei letztere das Material unter den Bedingungen jeweiliger Materialtransfer-Vereinbarungen (MTAs) erhalten (Verantwortlich: P. Schweizer/Ag PSG; Zuständig: Sonja Gentz, Vertretung: Ines Walde).

### 2. Wissenschaftlich-technische Organisation:

Der Wechsel von den ehemals sieben methodenorientierten Modulen zu fünf thematischen *task forces* wissenschaftlicher Arbeitsgruppen wurde vollzogen. Ziele der *task forces* sind die Zusammenführung von Expertise in bestimmten Themenbereichen von arbeitsgruppenübergreifendem Interesse, ein effizienter Informationsfluss inklusive Know-how-Transfer zwischen Wissenschaftlern im Hause, gemeinsame Gerätebeschaf-

## Plant Genome Resources Centre (PGRC)

Coordinator: Dr. Patrick Schweizer

During the last two years the Plant Genome Resources Centre (PGRC; <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/>) of IPK continued to provide services for internal users and external partners, served as a scientific and technical platform at the IPK and coordinated the international research network BarleyGenomeNet (<http://www.barley.net.org>) for Genome Research in barley.

### 1. Service:

The PGRC currently offers five services for users at the IPK:

- Sanger DNA sequencing of single samples or multiple samples in a 96-well plate format (up to few thousand/order) on an ABI 3730 instrument equipped with 96 capillaries (Responsible: P. Schweizer/research group Pathogen Stress Genomics; In charge: Susanne König; replacement: Ines Walde).
- NGS using the HiSeq 2000 instrument from Illumina with 8 flow cells. The Roche FLX (formerly “454”) system can also still be re-activated upon request. It is no longer used, though, in the context of ongoing genome-sequencing projects (responsible for HiSeq 2000: L. Altschmied/research group Heterosis; In charge: Ines Walde).
- Medium- to high-throughput SNP genotyping using the Veracode system from Illumina and the SnapShot system from Life Technologies in combination with the ABI 3730 capillary instrument (responsible: P. Schweizer/research group Pathogen Stress Genomics; In charge: Susanne König and Ines Walde).
- Crossing and population development/maintenance for barley, wheat and (if necessary) *Arabidopsis thaliana* (responsible: P. Schweizer/research group Pathogen Stress Genomics; In charge: Bettina Brückner; replacement: Sonja Gentz).
- Maintenance of DNA-clone libraries (mostly EST of barley) and release of EST clones as well as binary vectors to internal and external users, the latter being subjected to corresponding material transfer agreements (responsible: P. Schweizer/research group Pathogen Stress Genomics; in charge: Sonja Gentz; replacement: Ines Walde).

### 2. Scientific and technical organization:

The change from the previous method-oriented PGRC modules to five thematic *task forces* for scientific groups at IPK was completed. Goals of the *task forces* include the bringing together of expertise for topics of joint interest among IPK research teams, an efficient flow of information, in house know-how transfer between scientists, coordinated ordering of equipment and submission of joint research-grant applications, to name just a few of the most important. In addition, the *task forces* contribute to communicating prioritized research topics to the outside

fungen und Antragsstellungen, um nur einige der wichtigsten zu nennen. Darüber hinaus können die *task forces* beitragen, übergeordnete Forschungsthemen klarer nach außen zu transportieren und so das Forschungsprofil des Instituts zu schärfen. Folgende *task forces* existieren zur Zeit:

- Next Generation Sequencing (NGS, Koord. N. Stein)
- Quantitative Genetik (Koord. J. Reif)
- Stressintegration (Koord. P. Schweizer)
- Phenomics (Koord. T. Altmann)
- Metabolit Analyse (Koord. H.-P. Mock).

Die *task force* „Quantitative Genetik“ wurde als Weiterentwicklung der *task force* „Assoziationsgenetik“ zum Ende 2013 durch den neuen Abteilungsleiter Prof. Dr. Jochen Reif neu gegründet. Sie soll sowohl Assoziationsgenetik als auch andere Ansätze quantitativer Genetik, wie z. B. *genomic selection*, thematisch umfassen. Die *task forces* veranstalteten eine Reihe von Arbeitstreffen und/oder Seminaren, die sich an alle wissenschaftlichen Mitarbeiter oder an Gruppenleiter richteten.

### 3. Nationale/internationale Netzwerke:

Das internationale Netzwerk von Institutionen mit schwerpunktmäßigem Interesse an der Genomforschung der Gerste, BarleyGenomeNet (BGN), wird für zwei weitere Jahre vom PGRC-Leiter Patrick Schweizer koordiniert werden (Wiederwahl im Dezember 2013). Nach rund 10 Jahren des Bestehens erweist sich BGN als effiziente Plattform für grund- respektive drittmittelfinanzierte bi- oder multilaterale Kooperationen mit dem Ziel gemeinsamer Publikation oder der Einreichung koordinierter Projektanträge. Im Jahr 2013 konnte das Netzwerk um die beiden neuen Partner Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Fakultät III und Universität Modena e Regio Emilia erweitert werden. Momentan befinden sich zwei Verbundanträge mit Teilnahme von jeweils mindestens 4 BGN-Partnern und koordiniert von einem der Netzwerkpartner, in Vorbereitung. Die BGN-Partner werden sich am 11./12. Dezember 2014 an der Universität Modena e Regio Emilia zum nächsten Jahrestreffen versammeln.

Weitere für das PGRC bedeutsame Netzwerke wie das Internationale Gerstengenom-Sequenzierungskonsortium (IBSC) wurden mit maßgeblicher Beteiligung von PGRC-Mitgliedern weitergeführt.

Patrick Schweizer, Januar 2014

community, thereby sharpening the research profile of the Institute. The following task forces currently exist:

- Next Generation Sequencing (NGS, coord. N. Stein)
- Quantitative Genetics (coord. J. Reif)
- Stress Integration (coord. P. Schweizer)
- Phenomics (coord. T. Altmann)
- Metabolite analysis (coord. H.-P. Mock).

The *task force* “Quantitative Genetics” was set up as a further development of the *task force* “Association Genetics” towards the end of 2013 by the new department head Prof. Jochen Reif. It will focus on association genetics as well as other approaches of quantitative genetics such as genomic selection. The *task forces* organized a series of workshops and seminars for all academic staff or for group leaders.

### 3. National and international networks:

The international network of institutions with a major interest in barley genomics and genetics, BarleyGenomeNet (BGN), will be coordinated for an additional two years by PGRC coordinator P. Schweizer (re-elected in December 2013). After 10 years of existence, BGN proved to be an efficient platform for core- as well as externally funded bi- or multilateral co-operations for accelerating research progress in barley, for joint publications and submission of coordinated grant applications. In 2013, the network could be extended by two new members: The Martin Luther University Halle-Wittenberg (Faculty III) and the University of Modena e Regio Emilia (Department of Agricultural and Food Sciences). Two joint grant applications with participation of at least 4 BGN partners and coordinated by one of the network partners are currently in preparation. The BGN partners will meet on December 11-12, 2014 at the University of Modena e Regio Emilia to the next BGN Annual Meeting.

Other international networks such as the International Barley Genome Sequencing Consortium (IBSC) continued to be lead or supported by staff from research groups belonging to PGRC.

Patrick Schweizer, January 2014

## Die Entwicklung der Bioinformatik am IPK

Koordinator: Prof. Dr. Falk Schreiber

Die Bioinformatik am IPK Gatersleben deckt ein breites Forschungsspektrum ab, das von Datenbanken und Informationssystemen über Datenanalyse, Modellierung und Simulation bis zur Bilddatenanalyse und Visualisierung reicht. Die Arbeitsgruppen sind dabei in vielfältigen interdisziplinären Projekten sowohl mit der biologischen Forschung am Institut wie auch mit externen nationalen und internationalen Partnern eng vernetzt. Für detaillierte Informationen zum erbrachten wissenschaftlichen Fortschritt und den Kooperationen wird auf die Einzelberichte der jeweiligen Arbeitsgruppen verwiesen.

Durch die Bioinformatikgruppen werden verschiedene Datenbanken und Softwaretools als Ressourcen für die pflanzenbiologische Forschung entwickelt und zur Verfügung gestellt. Beispiele für Datenbanken und Informationssysteme sind das *Genbankinformationssystem* für die Verwaltung und das Management der Muster in der Genbank, die *European Barley Database* mit über 150.000 Akzessionen europäischer Gerstensammlungen und dreier außereuropäischer Sammlungen sowie Evaluierungsdaten, die *Mansfeld-Datenbank* für kulturpflanzentaxonomische Informationen zu über 6.000 weltweit kultivierten Pflanzenarten, *MetaCrop* mit Daten zu metabolischen Pathways diverser Kultur- und Modellpflanzen und *OptimasDW*, ein Data Warehouse für Mais. Herausragende Bioinformatik-Tools sind *IAP* zur Verarbeitung der Bilddaten von Hochdurchsatz-Phänotypisierungssystemen, *Vanted* zur Analyse komplexer biochemischer Datensätze, besonders von \*omics Daten im Kontext biologischer Netzwerke, *SBG-ED* zum Erstellen, Ändern, Validieren und Exportieren von Diagrammen entsprechend dem Systems Biology Graphical Notation Standard, *Lailaps*, ein System zur Suche in nicht integrierten Life Science Datenbanken sowie *FBASimVis* zur Rekonstruktion stöchiometrischer Modelle, deren Analyse mittels Flux Balance Analysis und der explorativen Visualisierung der Analyseergebnisse.

Um die Bioinformatik als Einheit zu stärken und über das IPK hinaus sichtbar werden zu lassen, haben die Bioinformatikgruppen wie in den Vorjahren neben den eigenen Arbeiten eine Vielzahl gemeinsamer Aktivitäten durchgeführt. Erwähnenswert sind hier das gemeinsam von allen Bioinformatikgruppen jährlich durchgeführte Modul Bioinformatik für den AgriGenomics-Masterstudiengang an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel und die Veranstaltung oder Mitorganisation internationaler Tagungen wie das *International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013 (IB 2013)* vom 18. bis 20. März 2013 in Gatersleben, das *‘Computational Modeling in Biology’ Network (COMBINE 2013)* vom 16. bis 20. September 2013 in Paris und das *International Symposium on Integrative Bioinformatics 2012 (IB 2012)* vom 2. bis 4. April 2012 in Hangzhou (China).

Falk Schreiber, Januar 2014

## The Development of Bioinformatics at IPK

Coordinator: Prof. Falk Schreiber

The bioinformatics at the IPK Gatersleben covers a wide research spectrum, which ranges from databases and information systems to data analysis, modelling, and simulation, to image analysis and visualisation. In a diversity of interdisciplinary projects, bioinformatics at the IPK is closely integrated with biological research at the institute as well as with many national and international external partners. With regards to the scientific progress of the individual research groups and their collaborations, see the reports of the respective groups.

As part of their work the bioinformatics groups develop and host databases, information systems and software tools for plant biological research. Examples for databases and information systems are the *Genebank information system* for the management of accessions in the Genebank, the *European Barley Database* with over 150 000 accessions of European barley collections and three non-European collections as well as evaluation data, the *Mansfeld-Datenbank* for crop plant taxonomical information on over 6 000 plant species cultivated worldwide, *MetaCrop* with data about metabolic pathways of different crop and model plants, and *OptimasDW*, a data warehouse for maize. Important bioinformatics tools are *IAP* for the processing of image data from high-throughput phenotyping systems; *Vanted* for the analysis of complex biochemical data sets, especially \*omics data in the context of biological networks; *SBGN-ED* for the creation, editing, validation, and export of maps in the Systems Biology Graphical Notation standard; *Lailaps*, a system for the search in non- integrated life science databases; and *FBA-SimVis* for the reconstruction of stoichiometric models, their analysis with Flux Balance Analysis, and the explorative visualisation of analysis results.

To strengthen bioinformatics as a unit and increase its visibility beyond the IPK, in addition to their own work the bioinformatics groups have carried out a large number of joint activities. Worth mentioning here are: the yearly bioinformatics module for the master study program in AgriGenomics at the Christian Albrecht University Kiel and the international conferences *International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013 (IB 2013)* from 18 to 20 March 2013 in Gatersleben, the *‘Computational Modeling in Biology’ Network (COMBINE 2013)* from 16 to 20 September 2013 in Paris, and the *International Symposium on Integrative Bioinformatics 2012 (IB 2012)* from 2 to 4 April 2012 in Hangzhou (China).

Falk Schreiber, January 2014

## Das Doktorandenprogramm und die Leibniz-Graduiertenschule

Sprecherin: Diana Gierth

Die wissenschaftliche Ausbildung der derzeit über 90 Doktoranden wird am IPK durch ein promotionsbegleitendes Rahmenprogramm ergänzt, das sich aus Veranstaltungen des bereits am IPK etablierten Doktorandenprogramms und den im Rahmen der Graduiertenschule am IPK neu konzipierten Veranstaltungen zusammensetzt. Den Doktoranden sollen durch wissenschaftlich-technische Kurse, Seminare, Exkursionen, Vorträge etc. vielfältige Qualifizierungsmöglichkeiten zur Verfügung gestellt werden. Promotionsstudenten innerhalb des Doktorandenprogramms haben die Möglichkeit, alle Angebote der Graduiertenschule wahrzunehmen. An der Umsetzung des Rahmenprogrammes arbeiten das PhD Student Board (PSB) – die selbstorganisierte Doktorandenvertretung des IPK – und die Koordinatoren der Graduiertenschule gemeinsam.

Die Leibniz-Graduiertenschule „Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors“ (Ertragsbildung in Getreide – Überwindung ertragshemmender Faktoren) der Fakultäten I und III der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (MLU) und des IPK ist seit 2012 strukturbildender Teil des WissenschaftsCampus Halle. Zentrales Anliegen der Graduiertenschule ist die Schaffung einer langfristig wirksamen Forschungs- und Lehrstruktur im Bereich der pflanzenbasierten Bioökonomie. Die Graduiertenschule setzt sich zum Ziel, die wissenschaftliche Expertise im Bereich der Kulturpflanzenforschung mit Fragestellungen aus den Bereichen Agrar- und Bioökonomie in Verbindung zu bringen. Hierbei werden u. a. die genetischen und physiologischen Grundlagen ertragshemmender Faktoren untersucht. Die Graduiertenschule verfolgt zudem das Ziel, Forschungsstrategien zur Steigerung des Ertragspotenzials in Gerste und Weizen in enger Zusammenarbeit zwischen Forschergruppen des IPK und der MLU zu etablieren sowie systematisch eine strukturierte Graduiertenqualifizierung zu entwickeln. Dadurch soll auch das für am IPK tätige Promotionsstudenten bereits bestehende Doktorandenprogramm nachhaltig weiterentwickelt werden.

Das Kurs- und Vorlesungsprogramm für die Graduiertenschule, basierend auf Vorlesungen, wissenschaftlich-technischen als auch begleitenden nicht-wissenschaftlichen Kursen (Soft-Skill-Kurse), wurde neu aufgesetzt und mit den bereits am IPK vorhandenen Strukturen des Doktorandenprogramms sowie weiteren externen Qualifizierungsangeboten (Vorlesungen, Kurse und Seminare) abgestimmt. Wesentlicher Bestandteil ist die Einbindung von am IPK beschäftigten Wissenschaftlern und Wissenschaftlerinnen, die Vorlesungen und wissenschaftlich-technische Kurse anbieten. So konnten beispielsweise Kurse zu den Themen „Histological and ultrastructural analysis of plant tissue using light, scanning and transmission electron microscopy“, Microdissection und R durchgeführt werden.

## The PhD Programme and the Leibniz Graduate School

Speaker: Diana Gierth

Over 90 PhD students are currently conducting their research at IPK; their training and tuition are handled within a programme which combines elements of the prior IPK PhD programme with a newly drafted graduate school programme. Scientific and technical courses, seminars, excursions, lectures, etc. offer a range of learning opportunities for the PhD students, who are all free to participate in any aspect of the graduate school programme, whether they are directly enrolled within the PhD programme or are members of the graduate school. The delivery of this augmented programme is overseen by the PhD Student Board (PSB), which is a self-governing IPK student body, in conjunction with the coordinators of the graduate school.

Since 2012, the Leibniz Graduate School Gatersleben has offered the degree level programme “Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors” in collaboration with the Natural Sciences I and III faculties of the Martin Luther University Halle-Wittenberg (MLU). The combined resources of the two faculties and IPK form part of the ScienceCampus Halle. A major priority of the graduate school is the establishment of a sustainable and effective research and education structure in the area of the plant-based bioeconomy. The graduate school seeks capitalize on the high level of local expertise in crop plant research and the bioeconomy. Two examples of the close cooperation between research groups at IPK and MLU are (1) a body of research exploring the genetic and physiological nature of yield-limiting factors and (2) the elaboration of research strategies aimed at raising the yield potential of barley and wheat. The goal is to develop a structured graduate training environment which will nurture the sustainability of the existing IPK PhD programme.

The programme of courses and lectures at the graduate school is based on a series of lectures and courses covering both scientific and technical aspects, as well as relevant non-scientific topics. The programme has supplemented these established teaching materials with a series of externally-sourced lectures, courses and seminars. A fundamental component is the contribution made by IPK scientists in the form of lectures and scientific and technical courses. These have included to date courses covering the histological and ultrastructural analysis of plant tissue using light, scanning and transmission electron microscopy; microdissection technology; and the use of R statistical software.

The graduate school has recently put in place a “study record book”, which forms a documented record for each PhD students project aims (research proposal, annual report) and attendance at courses and workshops. A requirement for the PhD students is to regularly present their research results in the form of talks and/or posters. At the biweekly student meetings,

Im Rahmen der Graduiertenschule werden neue Instrumente zur Sicherung der strukturierten Doktorandenqualifizierung eingeführt, beispielsweise das Study Record Book, das den Doktoranden dazu dienen soll die individuellen Projekthinhalte, Projektziele (Research Proposal, Annual Report) sowie die Teilnahme an verschiedenen Kursen und Workshops zu dokumentieren.

Ein weiterer Bestandteil der Doktorandenqualifizierung ist das regelmäßige Vorstellen von Forschungsergebnissen in Vorträgen oder als Posterpräsentationen. Im zweiwöchentlichen Abstand findet das PhD-Seminar statt, bei dem Doktoranden über ein frei wählbares wissenschaftliches Thema oder die Motivation für ihr Promotionsthema berichten sowie wissenschaftliche Artikel von hohem allgemeinem Interesse vorstellen können. Seit dem letzten Jahr sind die Zuhörernden zu einem Feedback in Form eines kurzen Evaluierungsbogens aufgerufen.

Einmal jährlich wird die Plant Science Student Conference (PSSC) von Doktoranden für Doktoranden organisiert, im Jahr 2013 nunmehr zum 9. Mal. Diese Konferenz findet im jährlichen Wechsel mit dem Institut für Pflanzenbiochemie (IPB) Halle statt und umfasst etwa 70-80 Teilnehmer. Eine Jury aus Wissenschaftlern zeichnet am Ende der Konferenz die besten Vorträge und Posterpräsentationen aus. Neben interessanten Keynote-Lectures von renommierten Wissenschaftlern, werden auch Karrieremöglichkeiten außerhalb der Wissenschaft vorgestellt.

Exkursionen in verschiedene Unternehmen konnten auch 2012/2013 in Zusammenarbeit mit der BIO Mitteldeutschland GmbH organisiert werden. So wurden zum Beispiel Vita34 und Bioplanta in Leipzig besucht. Die teilnehmenden Doktoranden erhielten vor Ort einen Einblick in die Arbeit der Firmen und konnten alternative Berufswege entdecken.

Seit mehreren Jahren beteiligt sich das PSB an der Gestaltung des Seminarprogramms am IPK, indem renommierte Wissenschaftler für Vorträge im Rahmen der Gatersleben Lecture an das Institut eingeladen werden. Zuletzt begrüßten wir Prof. Roland von Bothmer im Oktober 2013, der die Bedeutung des Svalbard Global Seed Vault vorstellte. Weitere Gastredner für das Seminarprogramm 2014 haben ihr Kommen schon zugesagt.

Zum dritten Mal wurde 2013 der „Beagle Award“ verliehen. Dieser vom PSB initiierte Preis wird jährlich gemeinsam von PSB und Direktorium an junge Wissenschaftler des IPK verliehen, die herausragende wissenschaftliche Leistungen während des Promotionsstudiums aufwiesen und zudem ein hohes soziales Engagement zeigten. Eine Jury aus fünf Arbeitsgruppenleitern bzw. Postdocs des IPK und drei Mitgliedern des PSB zeichnete Nicole Schmid, Martin Mau und Stefan Heckmann aus.

Mit dem Ziel, die soziale Vernetzung unter den Doktoranden zu fördern, wurde 2013 das erste „PhD Students Annual Meeting“ vom PSB organisiert. Alle Doktoranden konnten sich über

individual students report on new developments in a scientific topic of their choosing, describe their own research motivation and present a recently published scientific paper to the group. Starting last year, the PSB has instituted a formal feedback programme aiming to help raise the quality of presentations in a non-confrontational manner.

Once a year, a group of PhD students, overseen by the PSB, organizes the “Plant Science Student Conference” (PSSC) for the PhD student community. The year 2014 will mark the tenth PSSC. The site of the conference rotates between IPK and IPB in Halle, and attracts between 70 and 80 participants. A jury of scientists presents awards to the best oral and poster contributions at the end of the conference. The PSB also invites renowned scientists to give a keynote lecture and speakers able to describe career opportunities both inside and outside academy.

Excursions to a number of commercial entities were organized during 2012/2013, in cooperation with BIO Mitteldeutschland GmbH. These included the Leipzig-based companies Vita34 and Bioplanta. These visits have proven valuable for the PhD students, since they give direct insights into how the private sector operates and expose a number of alternative career opportunities.

In addition to the annual PSSC, the PSB regularly invites high reputation scientists to deliver an IPK-wide seminar as part of the “Gatersleben Lecture” series. Most recently, Prof. Roland von Bothmer was invited to describe the importance of the Svalbard Global Seed Vault. A number of guest speakers have already been secured to present during the 2014 series.

During 2013, the “Beagle Award” was granted for the third time. This prize, initiated by the PSB, is awarded annually by the PSB, in conjunction with the IPK Board of Directors, to young scientists who have demonstrated an outstanding level of scientific achievement during their PhD programme, and at the same time shown a high degree of social commitment. The jury, comprising five IPK group leaders and postdoctoral fellows with PSB members, selected Nicole Schmid, Martin Mau and Stefan Heckmann as the winners of the 2013 “Beagle Award”.

In 2013 the PSB organized the inaugural “PhD Students Annual Meeting”, which aimed to promote social networking among the IPK PhD community. The students were given information regarding the newly established graduate school programme, while the international students were offered tips concerning life in Germany. The meeting finished with a presentation given by a number of the international students featuring music, cultural videos and traditional foods from five different countries.

Diana Gierth, January 2014

das Programm der 2012 neu eingeführten Graduiertenschule informieren und internationale Doktoranden hatten die Möglichkeit, wertvolle Informationen für das Leben in Deutschland zu bekommen. Abgerundet wurde das Programm durch die Vorstellung fünf verschiedener Länder und ihrer Kulturen mit typischer Musik, interessanten Videos und Kostproben von traditionellem Essen.

Diana Gierth, Januar 2014

## Das IPK Postdoc Board

Vorsitzende: Dr. Astrid Junker

### Gründung und Struktur des IPK Postdoc Boards

Seit seiner Gründung im Sommer 2012 vertritt das IPK Postdoc Board die Interessen aller promovierten wissenschaftlichen Mitarbeiter (außer Gruppenleitern). Das Board besteht aus acht Postdocs aus den vier verschiedenen Abteilungen, wobei sechs der aktuellen Boardmitglieder Gründungsmitglieder sind. Die Hauptaufgaben des Postdoc Boards sind: die Förderung der IPK-internen Vernetzung von IPK Postdocs, und damit die Verbesserung des wissenschaftlichen Austauschs sowie die Unterstützung von internen Kooperationen. Des Weiteren regt das Board Diskussionen über Karriereperspektiven für Postdocs am IPK an und organisiert wissenschaftliche und soziale Veranstaltungen. Bezüglich seiner Aktivitäten befindet sich das IPK Postdoc Board im ständigen Dialog mit den Postdocs am IPK, dem Direktorium und dem IPK Student Board. In einer Umfrage wurde ein Überblick über die allgemeine Situation der Postdocs am IPK gewonnen mit speziellem Augenmerk auf ihr soziales Umfeld, wissenschaftliche Leistungen, Karrierevorstellungen sowie Postdoc-spezifische Wünsche und Bedürfnisse. Über fünfzig Prozent aller Postdocs am IPK nahmen teil und die intern veröffentlichten Ergebnisse wurden mit Postdocs und dem Direktorium diskutiert.

### Aktivitäten im Jahr 2013

Das Postdoc Board organisierte die erste BARLOMICS Summer School, die im September 2013 am IPK stattfand. Bei dieser Veranstaltung wurden die Grundlagen von state-of-the-art-Methoden anhand verschiedener Anwendungsbeispiele in der Gersten-Forschung vermittelt. Die Summer School bestand aus vier Modulen: „Pflanzengenetische Ressourcen und Pre-Breeding“, „Phenomics“, „Proteom-, Transkriptom- und Genomanalyse“ und „Genetic Engineering von Gerste - Methoden und Anwendungen“. Jedes Modul begann mit einer morgendlichen Lehrveranstaltung, bestehend aus einem Einführungsvortrag von einem Postdoc des IPKs über die Grundsätze der Methodik sowie ein bis zwei Vorträge von renommierten externen Wissenschaftlern, welche die Anwendung der Methode mit anschaulichen Beispielen aus der Gersten-Forschung demonstrierten. Dies wurde durch einen praktischen Teil am Nachmittag ergänzt, in dem die Studenten ihre in der Vorlesung gewonnenen Kenntnisse in einem Hands-on-Training vertiefen konnten. Die 20 teilnehmenden Doktoranden, vor allem vom IPK, aber auch von externen Forschungseinrichtungen, bekamen die Möglichkeit, Einblicke in eine Vielzahl von analytischen und molekularbiologischen Methoden sowie den Forschungsressourcen am IPK zu erhalten. Die Postdocs des IPK hatten die Möglichkeit, sich in der Lehrtätigkeit zu üben und ihre spezifischen Kenntnisse zu vermitteln. Die BARLOMICS Summer School war eine große Chance für die Teilnehmer und Organisatoren sowie die Gastredner, Kontakte zu knüpfen, Koopera-

## The IPK Postdoc Board

Vorsitzende: Dr. Astrid Junker

### Foundation and activities of the IPK Postdoc Board

Since its foundation in summer 2012 the IPK Postdoc Board is representing the interests of all scientific staff holding a doctoral degree (except group leaders). The Board consists of eight Postdocs working in the four different departments whereas six of the current Board members are founding members. The main tasks of the Postdoc Board are: increasing the networking between IPK Postdocs in order to enhance scientific exchange and to support the establishment of internal collaborations, discussions about career perspectives for Postdocs at IPK, and the organization of scientific and social events. With respect to its activities the Board is in permanent dialogue with the Postdocs at IPK, the Board of Directors, and the IPK Student Board. In frame of a survey among IPK Postdocs the Board got an overview of the general situation of Postdocs at the IPK with respect to their social environment, scientific achievements and individual career visions as well as particular needs of this group of employees. About fifty per cent of the IPK Postdocs participated in this survey and the results have been communicated via the intranet and discussed Postdocs and the board of directors.

### Activities in 2013

In 2013 the Postdoc Board organized the first BARLOMICS Summer School which took place at IPK in September. This event was intended to communicate principles of state-of-the-art methods applied to different use cases in barley research. The Summer School consisted of four modules: 'Plant Genetic Resources and Pre-Breeding', 'Phenomics', 'Proteome, Transcriptome and Genome Analysis', and 'Genetic Engineering of Barley – Methods and Applications'. Each module started with a morning session consisting of introductory lectures given by IPK Postdocs about the principles of the methodology as well as one or two lectures of renowned invited speakers demonstrating the application of the method using compelling examples in barley research. This was followed by a complementary practical part in the afternoon enabling students to deepen their knowledge gained during the lectures by performing hands-on training.

Thus, the 20 participating PhD students, mainly from IPK but also from external research facilities, got the opportunity to get deeper insights into a multitude of analytical and molecular biological methods as well as scientific/research resources available at IPK. For Postdocs this event provided the possibility to train and improve their teaching skills and mediate their specific knowledge to PhD students. The BARLOMICS Summer School was a great chance for participants and organizers as well as guest speakers to get into contact, establish collaborations, and create innovative ideas. Positive feedback from participating PhD students and guest speakers as well as from IPK colleagues encouraged the Board to continue this activity and



tionen zu etablieren und innovative Ideen zu entwickeln. Positive Rückmeldungen von teilnehmenden Doktoranden und Gastrednern als auch von IPK-Kollegen ermutigen das Board in Zukunft weitere ähnliche Veranstaltungen bzw. eine regelmäßig stattfindende Summer School zu planen.

Im September 2013 organisierte das Postdoc Board außerdem eine Informationsveranstaltung mit einem Vortrag zum „Aufbau und Strukturierung von DFG-Anträgen“, der von Prof. Dr. N. von Wirén in seiner Funktion als DFG-Fachkollegiumsmitglied gegeben wurde. Der Vortrag richtete sich vor allem an Nachwuchswissenschaftler wie Doktoranden in der späteren Phase ihrer Promotion sowie Postdocs, die sich über die Vorgehensweise bei der Drittmittelinwerbung bei der DFG informieren wollten. Sie erhielten Informationen über die verschiedenen DFG-Förderprogramme und die entsprechenden Voraussetzungen zur Antragsberechtigung. Prof. von Wirén fokussierte dabei auf Punkte, auf die bei der Antragsstellung besondere Aufmerksamkeit gerichtet werden sollte und gab Ratschläge zur Vermeidung häufig auftretender Fehler im Hinblick auf Struktur und Inhalt von DFG-Anträgen.

In Zusammenarbeit mit dem ehemaligen Verantwortlichen für Öffentlichkeitsarbeit am IPK, R. Schnee, gründete das Postdoc Board im professionellen Netzwerk XING eine Gruppe „Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research“, zu der alle aktuellen und bisherigen Mitarbeiter des IPK eingeladen sind beizutreten. Dieses ALUMNI-Netzwerk soll primär als Forum dienen, in dem sich derzeitige und ehemalige IPK-Angestellte austauschen und in Kontakt miteinander bleiben können. Weiterhin werden über diese Gruppe Nachrichten über das IPK verbreitet und aktuelle und zukünftige Veranstaltungen am Institut bekanntgegeben. In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe Personalwesen ist geplant, Kontakt zu ehemaligen Kollegen herzustellen und sie einzuladen, dem Netzwerk beizutreten. Darüber hinaus organisierte das IPK Postdoc Board regelmäßige, informelle Treffen (Meet & Greet) im Club oder dem Casino des IPK. Diese Treffen gaben den Postdocs die Möglichkeit, sich in einer entspannten Atmosphäre zu unterhalten, sich gegenseitig kennen zu lernen und Probleme zu diskutieren. Auch in Zukunft werden Postdoc Meets & Greets stattfinden und alle Postdocs sind herzlich eingeladen, sich in deren Rahmen mit den Board-Mitgliedern und anderen Kollegen auszutauschen.

### **Zukünftig geplante Aktivitäten**

Ein wichtiges Ziel des Postdoc Board ist die Vernetzung von Postdocs (und anderen Wissenschaftlern) intern am IPK aber auch mit ehemaligen Kollegen und Wissenschaftlern anderer Institutionen. Die Schaffung entsprechender Plattformen wie zum Beispiel dem ALUMNI-Netzwerk auf XING ist dabei eine zentrale Aufgabe. Neben dem ALUMNI-Netzwerk plant das Board ein Netzwerk mit mehreren Instituten in Deutschland zu etablieren, wobei erste Kontakte zu Postdoc-Vertretungen anderer Forschungsinstitute und Universitäten geknüpft wurden. Diese Kontakte bieten die Möglichkeit zum Erfahrungs-

to consider the first BARLOMICS Summer School as the start of a Summer Schools series in the future.

In addition to the Summer School the Postdoc Board organized in September 2013 a lecture about 'How to set up and structure a DFG proposal' which was given by Prof. N. von Wirén in his role as member of a DFG review board. This lecture was addressed to PhD students at a later stage of their thesis work and Postdocs who are interested in getting information about steps and approaches for acquisition of third party funding by the DFG. Prof. N. von Wirén outlined the different existing DFG grant programs as well as the necessary requirements for application eligibility. He furthermore focused on important points of attention with respect to structure and contents of DFG proposals and gave advice in order to avoid common pitfalls in proposal preparation.

In collaboration with the head of public relations, R. Schnee, the Postdoc Board founded a group 'Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research' in the XING professional network. All current and former employees of the IPK are invited to register and join this group, thereby supporting the main aim of this ALUMNI network as a contact forum for the exchange between present and former IPK staff. Furthermore, news about IPK and announcements of current and future events at the institute are and will be distributed via this network.

Beyond that, the IPK Postdoc Board organized regular informal meetings (Meet & Greet) in the IPK Club or Casino. These social gatherings gave Postdocs the possibility to meet and discuss in a relaxed atmosphere, to get to know each other and discuss problems. All Postdocs are invited to take part in future Meets & Greets in order to stimulate the exchange of ideas with board members and other colleagues.

### **Planned future activities**

An important goal of the Postdoc Board is to increase networking among IPK Postdocs and with other scientists at IPK and external research institutions. Thus, the establishment of respective platforms, e.g. the XING ALUMNI network, is one of the key tasks. Besides the ALUMNI network the Board plans to initiate a Postdoc network comprising representatives from different institutes in Germany. First contacts with Postdoc boards throughout Germany have been established and will enable the exchange of ideas irrespective of the scientific scope. In continuation of the initiative 'Open letter' (2012) a future multi-institutional Postdoc network could also provide a framework for political discussions about the German scientific system. In order to intensify such discussions a Postdoc retreat involving in- and external Postdoc representatives as well as politicians or GEW members could be organized.

Future Summer School courses are planned to take place in an annually alternating manner with other events such as training courses. In frame of such training courses it is planned to focus on specific needs of Postdocs with emphasis on career possibilities in the academic sector such as (junior) professorships or group leaderships. In addition, general soft skill courses could

austausch und der Diskussion von Postdoc-spezifischen Problemen unabhängig von der fachlichen/wissenschaftlichen Ausrichtung der beteiligten Postdoc-Vertreter. In Fortführung der Initiative ‚Offener Brief‘ (2012), werden in diesem Kreis außerdem forschungspolitische Aspekte und die Probleme des deutschen Wissenschaftssystems thematisiert. Ein PostDoc Board Retreat mit internen und externen Postdoc-Vertretern sowie möglicherweise weiteren Vertretern aus Politik und der Gewerkschaft für Erziehung und Wissenschaft (GEW) könnte einen Rahmen für die Intensivierung solcher Diskussionen darstellen.

Des Weiteren sind zukünftige Summer School-Kurse geplant, die in jährlich alternierender Weise mit anderen Veranstaltungen wie zum Beispiel speziell für Postdocs ausgerichteten Schulungen stattfinden könnten. Im Rahmen dieser Schulungen sind Soft Skill-Kurse denkbar, die über die verschiedenen akademischen Karrieremöglichkeiten von Postdocs wie die Juniorprofessur oder Arbeitsgruppenleiter informieren. Darüber hinaus könnten allgemeine Soft Skill-Kurse angeboten werden, welche Postdocs auf ihrem Weg zu wissenschaftlichen Führungskräften unterstützen (Personalmanagement, Bewerbungstraining, Drittmittelwerbung).

be offered further supporting Postdocs on their way to become leading scientists (such as personal management, application training, fundraising, etc.).

Astrid Junker, January 2014

Astrid Junker, Januar 2014



**Abb. 47**

Das IPK Postdoc Board (v.l.n.r. Dr. F. Arana-Ceballos, Dr. A. Matros, Dr. D. Nowara, Dr. M. Kuhlmann, Dr. A. Junker, Dr. R. Radchuk, Dr. G. Hensel) (Foto: H. Ernst, IPK Gatersleben).

**Fig. 47**

The IPK Postdoc Board (LTR: Dr. F. Arana-Ceballos, Dr. A. Matros, Dr. D. Nowara, Dr. M. Kuhlmann, Dr. A. Junker, Dr. R. Radchuk, Dr. G. Hensel) (Photo: H. Ernst, IPK Gatersleben).

## Kolloquien und Seminare/ Colloquia and Seminars

### Gatersleben Lectures

#### 2012

##### 31. Januar 2012

Prof. Dr. Paul Schulze-Lefert, Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Abteilung Pflanze-Mikroben-Interaktionen, Köln, Germany: Structure of and assembly cues for the *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microflora.

Gastgeber: Dr. habil. Patrick Schweizer

##### 7. Februar 2012

Prof. Dr. Rainer Hedrich, Universität Würzburg, Julius-von-Sachs-Institut für Biowissenschaften, Lehrstuhl für Botanik I, Würzburg, Germany: How plants save water.

Gastgeber: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

##### 27. Februar 2012

Prof. Dr. Mark Tester, University of Adelaide, Australian Centre for Plant Functional Genomics, The Plant Accelerator, Australian Plant Phenomics Facility and School of Agriculture, Food and Wine, Australia: Understanding and engineering salinity tolerance in crop plants.

Gastgeber: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén und Prof. Dr. Thomas Altmann

##### 19. Juni 2012

Prof. Dr. R. George Ratcliffe, University of Oxford, Department of Plant Sciences, Oxford, UK: Exploring the central metabolic network of heterotrophic plant cells with steady-state metabolic flux analysis.

Gastgeber: Dr. Björn Junker

##### 17. Juli 2012

Prof. Dr. Charles White und Prof. Dr. Marie Gallego, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS) UMR 6547, Université Blaise Pascal, France: Recombination and the maintenance of genome stability. The response to telomeric instability in *Arabidopsis*. Recombination and the mechanism of meiotic homologous chromosome pairing in *Arabidopsis*.

Gastgeber: Prof. Dr. Ingo Schubert

##### 20. September 2012

Dr. Patrick Heun, Max-Planck-Institut für Immunbiologie und Epigenetik, Freiburg, Germany: Towards understanding the epigenetic identity of centromeres.

Gastgeber: Prof. Dr. Ingo Schubert

##### 21. November 2012

Prof. Dr. Jean-François Briat, Biochimie & Physiologie Moléculaire des Plantes (CNRS – INRA – SupAgro – Université Montpellier) France: *Arabidopsis* ferritins as an integrative model linking iron metabolism to light, clock and oxidative stress signalings.

Gastgeber: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

#### 2013

##### 20. Februar 2013

Prof. Dr. George W. Bassel, School of Biosciences, University of Birmingham Edgbaston, Birmingham, UK: Uncovering regulators of plant cell shape change through integrating co-functional networks with 3D cellular morphodynamics.

Gastgeber: Dr. Astrid Junker

##### 27. Mai 2013

Prof. Dr. Dr. h.c. Margit Osterloh, CREMA (Center for Research in Economics, Management and the Arts) Zürich, Switzerland: Governance by Numbers and the Performance Paradox in Research.

Gastgeber: Prof. Dr. Andreas Graner

##### 10. Juni 2013

Prof. Dr. Franz M. Wuketits, Universität Wien, NIG, Austria: Wie viel Moral verträgt der Mensch? Zur Naturgeschichte von Gut und Böse.

Gastgeber: Prof. Dr. Ingo Schubert

##### 20. September 2013

Prof. Dr. Ian T. Baldwin, Max Planck Institute for Chemical Ecology, Jena, Germany: How a native plant solves life's challenges with a sophisticated use of chemistry.

Gastgeber: Dr. habil. Patrick Schweizer

##### 17. Oktober 2013

Prof. Dr. Roland von Bothmer, Svalbard Global Seed Vault: Are our genetic resources safe for the future and is there a need for the Svalbard global seed vault?

Gastgeber: Katja Herrmann

##### 27. November 2013

Prof. Dr. Justus Wesseler, Technische Universität München, Germany: Green Biotechnology: Why so controversial?

Gastgeber: Dr. Winfriede Weschke

## Vavilov- und PGRC-Seminare/ Vavilov and PGRC Seminars

### 2012

#### 1. Februar 2012

Dr. Manuela Nagel, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Using genome-wide association mapping to elucidate environmental effects on barley seed survival.

#### 1. Februar 2012

Steffi Witter, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Heterotic pools for biomass hybrid breeding in *Lolium perenne* L.

#### 15. Februar 2012

Dr. Qi Yang, Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim, Stuttgart, Germany: Langzeitlagerung von Saatgutproben in „ultra dry seed storage“ zur Lagerung pflanzengenetischer Ressourcen in Genbanken.

#### 23. Februar 2012

Mian Abdur Rehman Arif, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Seed longevity and dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.) phenotypic variation and genetic mapping.

#### 2. März 2012

Prof. Dr. Mark E. Sorrells, Department of Plant Breeding and Genetics, Cornell University, Ithaca, New York, USA: Association breeding strategies: Empirical results and implications for germplasm development.

#### 14. März 2012

Dr. Vinod Kumar, Central Potato Research Institute, Shimla, Himachal Pradesh, India: Utilization of potato genetic resources – Indian national and international status.

#### 4. April 2012

Raj Kishore Pasam, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Development of stratified barley populations for association mapping studies.

#### 11. April 2012

Rajiv Sharma, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Genome wide association studies in different gene pools of barley.

#### 18. April 2012

Naser Poursarebani, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: A genetically anchored physical map of barley chromosome 2H.

#### 4. Juli 2012

Prof. Dr. Johann Vollmann, Universität für Bodenkultur, Wien, Austria: Soybean genetic resources for improvement of seed quality characters.

#### 6. Juli 2012

Bryn Funnekotter, Western Australian Biomedical Research Institute, Curtin University and Botanic Gardens, Perth, Western Australia, Australia: Cryopreservation of Western Australian plant species.

#### 25. Juli 2012

Prof. Dr. Remigius Chizzola, Veterinärmedizinische Universität Wien, Institut für Angewandte Botanik und Pharmakognosie, Wien, Austria: Intraspezifische Variabilität von pflanzlichen Sekundärstoffen – Beispiele und Bedeutung für Veterinärmedizin, Pharmazie und Ernährung.

#### 27. September 2012

Dr. Lorenzo Peruzzi, Università di Pisa, Dipartimento di Biologia, Pisa, Italy: Chromosome diversity and evolution in plants. How to manage basic cytogenetic data: chromosome number and karyotype asymmetry variation.

#### 10. Oktober 2012

Dr. Christiane Ritz, Senckenberg-Museum für Naturkunde, Görlitz, Germany: Thorny morphology and spiny genetics – Molecular phylogeny and character evolution in terete-stemmed Andean opuntias (Cactaceae; Opuntioideae).

#### 17. Oktober 2012

Prof. Dr. Peter Poschlod, Universität Regensburg, Institut für Botanik, Regensburg, Germany: Seed ecological constraints for seed longevity.

#### 24. Oktober 2012

Ing. Wolfgang Kainz, AGES – Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH, Linz, Austria: Erhaltungsarbeit pflanzengenetischer Ressourcen an der GB Linz mit Schwerpunkt Getreidelandsorten sowie Heil- und Gewürzkräutern.

#### 14. November 2012

Ing. agr. Beate Schierscher-Viret, Département fédéral de l'économie DFE Station de recherche Agroscope Changins-Wädenswil ACW, Nyon, Switzerland: Erhaltung der genetischen Ressourcen in der Schweiz.

#### 12. Dezember 2012

Piotr Gawroński, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Circadian clock distortion is a common feature of the *earliness per se 3 (eps3)* and *early maturity 10 (eam10)* mutants in diploid cereals.

#### 17. Dezember 2012

Jemanesh Kifetew, Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse, IPK, Gatersleben, Germany: Genetic mapping of resistance to race Ug99 of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, diversity analysis and identification of stem rust resistance genes in Ethiopian tetraploid wheats.

## 2013

### 30. Januar 2013

Dr. Sreten Terzić, Department for organic agriculture and biodiversity, Institute of Field and Vegetable Crops, Novi Sad, Serbia: Germplasm resources for sunflower breeding programs of the Institute of Field and Vegetable Crops Novi Sad.

### 18. Februar 2013

Dr. Fiona R. Hay, International Rice Research Institute (IRRI), College Las Boñas, Laguna, Philippines: Managing the rice collection at IRRI: can we do it better.

### 20. März 2013

Dr. Diane Lister, McDonald Institute for Archaeological, Research University of Cambridge, Cambridge, U.K.: Studies of the spread of agriculture during prehistory utilizing crop germplasm and herbarium resources.

### 3. April 2013

Dr. Friederike Trognitz, Health & Environment Department Bioresources, AIT Austrian Institute of Technology GmbH, Tulln, Austria: Use of Beneficial Microorganism for Plant Improvement.

### 24. April 2013

Prof. Dr. Christophe Bailly, Germination et dormance des semences, Université Pierre et Marie Curie, Paris cedex, France: Regulation of seed after-ripening, longevity and germination by reactive oxygen species.

### 22. Mai 2013

Jette Schimmel, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Pharmazie, Halle/S., Germany: Chemotypbildung in verschiedenen Thymianarten – *Thymus vulgaris* und die Gaterslebener Thymiankollektion.

### 5. Juni 2013

Laura Tydecks, Leibniz-Verbund Biodiversität, Berlin, Germany: Biodiversity Research in the Leibniz Association: Leibniz Network on Biodiversity (LVB).

### 26. Juni 2013

Dr. Christian Möllers, Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenzüchtung, Göttingen, Germany: Genetic variation and inheritance of seed dormancy in winter oilseed rape *Brassica napus* L.

### 24. Juli 2013

Prof. Dr. Dietmar Quandt, Nees-Institute of Biodiversity of Plants, Universität Bonn, Bonn, Germany: The gametophyte strikes back: A century of oscillating systematic change?

### 4. September 2013

Dr. Boris Kobiljski, BioGranum, Novi Sad, Serbien: Where do we stand and where we would go in wheat research and breeding.

### 9. Oktober 2013

Dr. Louise Colville, Millennium Seed Bank Partnership, KEW Gardens, Wakehurst Place, Ardingly, UK: Stress and Survival – volatile markers of seed viability.

### 16. Oktober 2013

Dr. Hugo Oliveira, CIBIO-Research Centre on Biodiversity and Genetic Resources, Porto, Portugal: The domestication and spread of rye (*Secale cereale* L.) assessed by the genomic analysis of landrace accessions and historic seed collections.

## Vavilov-Vortragsabende/Vavilov Lectures

### 2012

#### 24. April 2012

Willmar Leiser, Universität Hohenheim, Stuttgart, Germany: *Sorghum*-Züchtung für phosphatarme Böden in West-Afrika.

### 2013

#### 28. Mai 2013

Dr. Joachim Keller, Abteilung Genbank, IPK, Gatersleben, Germany: Zwischen Köcherbäumen und Welwitschien – 5.000 km durch Namibia.

## Genetische Seminare/Genetics Seminars

### 2012

#### 27. Januar 2012

PD Dr. Thomas Liehr, Universitätsklinikum Jena, Institut für Humangenetik, Jena, Germany: Marker chromosomes in humans; are there B chromosomes hidden among them?

#### 30. Januar 2012

Dr. Ana Caperta, Centro de Botânica Aplicada à Agricultura, Instituto Superior de Agronomia Lisboa, Portugal: Diversity, cytogenetic variability and reproductive aspects of *Limonium* species of the Portuguese Atlantic and Mediterranean coasts.

#### 16. März 2012

Dr. Christina Lange, Universität Hamburg, Hamburg, Germany: Endosymbiosis and pathogen recognition in *Hydra*: Parallels between animals and plants.

#### 19. Juni 2012

Dr. Sascha Laubinger, Eberhard-Karls-Universität Tübingen, Tübingen, Germany: Identification of small RNA pathway components in plants.

**29. Juni 2012**

PD Dr. Klaus Appenroth, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Jena, Germany: The secret of duckweed. On the way from a weed to crop.

**3. Juli 2012**

Sigrid Heuer, Senior Scientist, International Rice Research Institute, Los Baños, Philippines: High value genes for molecular breeding of stress tolerant rice.

**30. August 2012**

Dr. Ekaterina D. Badaeva, Engelhardt Institute of Molecular Biology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia: Chromosome evolution of polyploid wheats in a broad scale.

**27. September 2012**

Mini-Symposium Epigenetik

Dr. Michael Florian Mette, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Epigenetics, Gatersleben, Germany: Approaches to epigenetic gene regulation in plants.

Dr. Stefan Scholten, Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek, Entwicklungsbiologie und Biotechnologie, Hamburg, Germany: When genomes unite: Epigenetics of seed development and hybridization.

Dr. Marcel Lafos, Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf, Entwicklungsepigenetik, Düsseldorf, Germany: Epigenetic memory and comparative epi-genomics in model plants and crop species.

**10. Oktober 2012**

Prof. Dr. Volker Lipka, Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen, Germany: Live and let die: *Arabidopsis* nonhost resistance to powdery mildew fungi.

**12. Oktober 2012**

Mini-Symposium Epigenetik

Dr. Claude Becker, Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie Tübingen, Tübingen, Germany: Epigenetic polymorphism in plants: modulator of genome plasticity and source of natural variation.

**16. Oktober 2012**

Prof. Dr. Tony Bacic, Melbourne University, Australia: Grass cell walls: Investigating the molecular mechanism of (1,3;1,4)- $\beta$ -glucan biosynthesis.

**15. November 2012**

Petr Bures and Frantisek Zedek, Masaryk University, Brno, Czech Republic: Evolution of holocentric chromosomes.

**27. November 2012**

Dr. Etienne Bucher, Universität Basel, Botanisches Institut, Basel, Switzerland: Epigenetic control of cell-type specific gene expression in plants.

**30. November 2012**

Dr. Ning Shao, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm, Germany: Discovering and manipulating ROS regulators in algae and higher plants.

**19. Dezember 2012**

Dr. Peter Schlögelhofer, Universität Wien, Department für Chromosomenbiologie, Wien, Austria: Molecular mechanisms of meiotic recombination in *Arabidopsis thaliana*.

**2013****14. Januar 2013**

Dr. Rob Dirks, Rijk Zwaan Breeding V.V., Netherlands: The making and use of chromosome substitution lines: plant breeding reversed.

**12. März 2013**

Prof. Dr. John McKay, Colorado State University, Fort Collins, Colorado, USA: Genetics of adaptation to climate.

**17. April 2013**

Mats Hansson, Carlsberg Laboratory Copenhagen, Denmark: In silico mapping reveals brassinosteroid related mutants in the barley brachytic, breviaristatum and erectoides complementation groups.

**18. April 2013**

Prof. Dr. Jeremy Timmis, The University of Adelaide, Australia: New genes for old, a major driver of genetic and genomic evolution.

**23. Mai 2013**

Dr. Alain Nicolas, Institute Curie, Paris, France: Mechanisms and targeting of meiotic recombination in yeast; prospects in plants.

**29. Mai 2013**

Prof. Dr. Paul Fransz, Swammerdam Institute for Life Sciences, University of Amsterdam, The Netherlands: Identification, origin, evolutionary history and population dynamics of an inversion in *Arabidopsis thaliana*.

**8. Juli 2013**

Dr. Mark Aurel Schoettler, Central Infrastructure Group "Biophysics and Photosynthesis", Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm: Biogenesis and lifetimes of photosynthetic complexes in higher plants.

**1. Oktober 2013**

Dr. Hanna Schneeweiss, Universität Wien: Chromosomal evolution as a basic mechanism of differentiation and speciation in *Prospero* (Hyacinthaceae).

### 8. Oktober 2013

Dr. Bettina Berger, Plant Accelerator, Adelaide, Australia: High-throughput phenotyping to dissect complex traits in crops.

### 28. Oktober 2013

Prof. Dr. Inger Åhman, Dept. of Plant Breeding, Swedish University of Agricultural Sciences, Alnarp, Sweden: Introgressing aphid resistance from *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* in barley using new techniques as they develop.

## Zellbiologische Seminare/Cell Biology Seminars

### 2012

#### 13. Februar 2012

Prof. Dr. Vincent Bulone, KTH Biotechnology, Stockholm, Sweden: Cell wall polysaccharide biosynthesis in plants and oomycetes – Emphasis on cellulose, (1,3)-D-glucan and chitin formation.

#### 15. Februar 2012

Prof. Dr. Raffael Schaffrath, Universität Kassel, Institut für Biologie, Kassel, Germany: Growth control by Zymocin, a composite chitinase and rRNase toxin for yeast.

#### 13. März 2012

Dr. Alga Zuccaro, Max-Planck-Institut für terrestrische Mikrobiologie, Marburg, Germany: Root-symbiosis a complex interplay between the plant and the fungus.

#### 12. April 2012

Dr. Karin Krupinska, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel, Germany: Control of leaf senescence by transcription factors originating from chloroplasts.

#### 7. Mai 2012

Dr. Isabel Diaz, Universidad Politécnica de Madrid, Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Madrid, Spain: What C1A peptidases do in barley?

#### 31. Mai 2012

Prof. Dr. Karl-Josef Dietz, Universität Bielefeld, Fakultät für Biologie, AG Biochemie und Physiologie der Pflanzen, Bielefeld, Germany: Six hours in the stressful life of a plant: short term signaling and acclimation in response to high light.

#### 28. Juni 2012

Dr. Dionne N. Shepherd, Department of Molecular and Cell Biology, University of Cape Town, South Africa: Transgenic strategies for virus resistance in maize.

#### 5. Juli 2012

Dr. G.S. Prasad, Chandigarh, India: Biophysical and biochemical characterization of *Kluyveromyces lactis* uricase.

### 17. Juli 2012

Prof. Dr. Frei, Universität Bonn, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Bonn, Germany: Oxidative stress tolerance in rice.

### 5. September 2012

Dr. Keith Baronian, University of Canterbury, New Zealand: Electrochemistry of yeast; an update on fundamental and applied aspects.

### 26. Oktober 2012

Ralf Dietrich, The James Hutton Institute, Invergowrie, Dundee, Scotland: A new model for plant capacitance measurement.

### 27. November 2012

Dr. Nico Dissmeyer, Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Nachwuchsgruppe Proteinerkennung und -abbau, Halle/S., Germany: Functional analysis of protein recognition and degradation in plants.

### 30. November 2012

Dr. Takayuki Tohge, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm, Germany: Recent developments in plant metabolomics research.

### 7. Dezember 2012

Prof. Dr. Ir. Wim Van den Ende, Institute of Botany and Microbiology, KU Leuven, Belgium: Towards understanding fructan multifunctionality.

### 2013

#### 11. Januar 2013

Dr. Ric de Vos, Plant Research International, Wageningen, The Netherlands: Metabolomics a myriad of applications in plant research.

#### 15. März 2013

Dr. Keith Baronian, University of Canterbury, New Zealand: Progress on the development of a yeast based oestrogen sensor and yeast microbial fuel cell.

#### 3. April 2013

Prof. Dr. Dietrich Ober, Botanisches Institut und Botanischer Garten, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel: Molecular Evolution of Pyrrolizidine Alkaloid Biosynthesis – A story of gene duplication, gene loss, and various selection pressures.

#### 23. Mai 2013

Prof. Dr. Eckard Boles, Institut für Biowissenschaften, Johann-Wolfgang-Goethe-Universität, Frankfurt am Main: Genetic engineering of yeast to optimize the production of biofuels and other bio-based chemicals.

#### 6. August 2013

Dr. Ivan Paponov, Universität Freiburg, Freiburg: How can we improve nutrient use efficiency?

## Waterman-Seminare/Waterman Seminars

### 2012

#### 7. Februar 2012

Prof. Dr. Andreas Kerren, Linnaeus University Växjö, Sweden: Integrating centrality measurements and hierarchical cluster analyses into network visualizations.

#### 8. Februar 2012

Prof. Dr. Lutz Plümer, Universität Bonn, Institut für Geodäsie und Geoinformation, Bonn, Germany: Machine learning for early stress detection.

#### 16. Juli 2012

Prof. Dr. Herbert Thiele, Steinbeis Innovation Center SCiLS, Bremen, Germany: New computational methods for Exploring 3D MALDI Imaging Mass Spectrometry Data.

#### 2. Oktober 2012

Dr. Bernard de Bono, University College, London, UK: Ontology-based knowledge management for clinical data and mathematical modelling: applying the RICORDO and ApiNATOMY toolkits in physiology and pharmacology.

#### 11. Oktober 2012

Prof. Dr.-Ing. Bernhard Preim, Universität Magdeburg, Magdeburg, Germany: Visualization and exploration of 3D toponome data.

#### 12. Oktober 2012

Markus Rohrschneider, Universität Leipzig und Effigis AG, Leipzig, Germany: Visualization of metabolic networks.

#### 21. November 2012

Dr. Stuart L. Moodie, European Bioinformatics Institute, Hinxton, UK: Finding and using pathways: tools for elucidating, visualising and modelling biological pathways.

#### 6. Dezember 2012

Dr. Korbinian Schneeberger, Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Köln, Germany: Identifying causal mutation in the absence of reference sequences, genetic maps and segregating populations.

### 2013

#### 11. Juni 2013

Martin Scharm, Dept. of Systems Biology and Bioinformatics, Universität Rostock, Germany: Model version control for computational biology.

#### 9. Juli 2013

Dr. Andreas Gogol-Döring, German Centre for Integrative Biodiversity Research, Halle-Jena-Leipzig, Germany: Bioinformatics in the age of high-throughput.

#### 16. Juli 2013

Dr. Dirk Walther, Central Infrastructure Group, MPI of Molecular Plant Physiology, Golm, Germany: Bioinformatics approaches to OMICS data analysis across multiple levels of molecular organization.

#### 18. Juli 2013

Keywan Hassani-Pak, Applied Bioinformatics Group, Rothamsted Research, Rothamsted, UK: From short sequence reads to candidate gene discovery in crop genomes.

#### 30. September 2013

Dr. Philippe Rocca-Serra, Technical Coordinator ISA-TOOLS, Oxford, UK: Data provenance in Life Science experiments using ISA-Tab syntax: Overview and implementation patterns and ongoing work for phenotypic data.

#### 17. Oktober 2013

Dr. Yury L. Orlov, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russia: Complexity of genomic sequences.

#### 18. November 2013

Dr. Steffen Oeltze, Department of Simulation and Graphics, School of Computer Science, Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg, Germany: Visual Exploration and Analysis of Perfusion Data.



## Vorträge/Lectures

### Eingeladene Vorträge auf internationalen Tagungen (Auswahl)/Invited Lectures at International Conferences (Selection)

#### 2012

- V1. ALTMANN, T.: Research @ IPK Gatersleben: topics, resources, infrastructure. – FAO-EPISO Workshop, Rome/Italy, 25.-27.06.2012.
- V2. ARIYADASA, R.: The barley physical map – impact of different BAC libraries made of partially digested or randomly sheared genomic DNA. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V3. BÄUMLEIN, H.: HAPPY – an apospory locus of *Hypericum*. – XXII International Congress on Sexual Plant Reproduction “Plant Reproduction for Food” (Melbourne 2012), University of Melbourne, Melbourne/Australia, 13.-17.02.2012.
- V4. BLATTNER, F.R.: Principles of systematics and taxonomy. – International Crocus Workshop 2012, Sao Romao de Alportel/Portugal, 01.-03.06.2012.
- V5. BLATTNER, F.R.: Nutzpflanzentaxonomie, genetische Ressourcen, Genomics und Phenomics. – Leopoldina Workshop ‘Herausforderungen für die taxonomische Forschung im Zeitalter der “-omics“-Forschung’, Halle/S., 21.-22.06.2012.
- V6. BLATTNER, F.R.: Think big(ger) – from model species to model genera. – 21<sup>st</sup> International Symposium on Biodiversity and Evolutionary Biology, Mainz, 16.-19.09.2012.
- V7. BORISJUK, L., T. NEUBERGER & H. ROLLETSCHKEK (vorgetragen von BORISJUK, L.): Non-invasive solution: advantages and challenges of nuclear magnetic resonance (NMR) application for oil seed crops. – 20<sup>th</sup> International Symposium on Plant Lipids, Seville/Spain, 08.-13.07.2012.
- V8. BORISJUK, L.: Imaging technology: NMR as a non invasive platform for plant science. – Next Generation Plant Science Symposium 2012 “New techniques and applications”, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 26.-28.09.2012.
- V9. BÖRNER, A., M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, M. ALLAM & U. LOHWASSER (vorgetragen von BÖRNER A.): *Ex situ* genebank collections – important tools for plant genetics and breeding. – EUCARPIA, 19<sup>th</sup> General Congress “Plant Breeding for Future Generations”, Budapest/Hungary, 21.-24.05.2012.
- V10. BRASSAC, J. & F. R. BLATTNER (vorgetragen von BLATTNER F.R.): Phylogenetic analysis of *Hordeum* polyploids using next generation sequencing. – International Conference on Polyploidy, Hybridization and Biodiversity (ICPHB 2012), Pruhonice/Czech Republic, 07.-10.05.2012.
- V11. DEHMER, K.J.: Plant genetic resources and their preservation via biotechnological and other methods. – 1<sup>st</sup> IGN-TTRC International Conference “Biotechnology for Human Life”, Bogor/Indonesia, 17.-18.06.2012.
- V12. DEHMER, K.J.: Plant genetic resources and their preservation via biotechnological and other methods. – IPB & IGN-TTRC Summer Course on Molecular Adaptation of Plant to Climate Change: Drought and Aluminum Stresses, Bogor/Indonesia, 19.-25.07.2012.
- V13. GIEHL, R.F.H.: Growing towards iron: regulatory components involved in altering lateral root development in response to heterogeneous iron availability. – 16<sup>th</sup> International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants, Amherst, Massachusetts/USA, 17.-21.06.2012.
- V14. GIERSBERG, M., K. FLORSCHÜTZ, U. HÄHNEL, J. RIECHEN, S. WORCH, A. TRAUTWEIN, D. JANKOWSKA, M. SCHWARZ, M. PIONTEK, S. UHLIG, K. BARONIAN, R. BODE & G. KUNZE (vorgetragen von KUNZE, G.): *Arxula adenivorans* – a valuable tool for basic research and biotechnological application. – 13<sup>th</sup> International Congress on Yeasts “Yeasts for a sustainable future” (ICY2012), Madison, Wisconsin/USA, 26.-30.08.2012.
- V15. GRANER, A.: Whole genome association mapping in barley: constraints and opportunities. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V16. GRANER, A.: Towards sequence based valorization of barley germplasm. – 3<sup>rd</sup> International Workshop on Next Generation Sequencing Data Analysis & Modern Breeding Approaches ICRISAT Campus, Patancheru, Greater Hyderabad/India, 29.-31.08.2012.
- V17. GRANER, A.: Unlocking the potential of genetic resources: a genomics perspective. – GPZ Genome Research Working Group, 10. Conference – Plant Stress and Genomics, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 18.-20.09.2012.
- V18. HARPKE, D.: Phylogeny and newly defined taxonomic categories of *Crocus*. – International Crocus Workshop 2012, Sao Romao de Alportel/Portugal, 01.-03.06.2012.
- V19. HEINZEL, N.: Primäre Pflanzenmetabolite mittels IC-MS-Kopplung. – International Ion Chromatography Symposium (IICS 2012), Berlin, 17.-19.09.2012.
- V20. HENSEL, G.: Utilization of different methods to decipher pathways and genes involved in the barley-powdery mildew interaction. – AgriGenomics Congress, Frankfurt a. M., 04.-05.09.2012.
- V21. HOSSEINI, S.A.: Dissecting the physiological mechanisms of potassium starvation in terminal drought stress in

- barley lines during anthesis and post anthesis. – Internationale wissenschaftliche Konferenz “Nährstoff- und Wasserversorgung der Pflanzenbestände unter den Bedingungen der Klimaerwärmung”, Bernburg-Strenzfeld, 18.-19.10.2012.
- V22. HOUBEN, A., D. DEMIDOV & R. KARIMI-ASHITYANI (vorgetragen von HOUBEN, A.): Consequences of histone phosphorylation. – COST Action: Players of the Epigenetic Symphony, Poitiers/France, 09.-12.07.2012.
- V23. JUNKER, B.H.: High-throughput metabolic flux analysis plant seeds. – 3<sup>rd</sup> Banff Conference on Plant Metabolism, Banff, Alberta/Canada, 26.06.-03.07.2012.
- V24. JUNKER, B.H.: High-throughput metabolic flux analysis plant seeds. – 3<sup>rd</sup> Brazilian-German Frontiers of Science and Technology Symposium, Brasilia/Brasilien, 08.-12.11.2012.
- V25. KELLER, E.R.J., F.R. BLATTNER, R.M. FRITSCH, K. PISTRICK, A. SENULA & C. ZANKE (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): The genus *Allium* in the Gatersleben plant collections – progress in germplasm preservation, characterization and phylogenetic analysis. – 6<sup>th</sup> International Symposium on Edible Alliaceae, Fukuoka/Japan, 21.-24.05.2012.
- V26. KELLER, E.R.J., A. SENULA, M. GRÜBE, N. BRINKMANN, S. VERBARG, C. SPROER, E. HEINE-DOBBERNACK & H. M. SCHUMACHER (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Endophytes in cryopreserved plant germplasm shoot cultures. – Annual General Meeting of the Society of Low Temperature Biology SLTB, Advances in Low Temperature Biology, London/UK, 11.-13.10.2012.
- V27. KUMLEHN, J.: Generation of instantly true-breeding mutant barley lines through the use of embryogenic pollen cultures. – 3<sup>rd</sup> FAO/IAEA Research Coordination Meeting (RCM) on Enhancing the Efficiency of Induced Mutagenesis through an Integrated Biotechnology Pipeline, Vienna/Austria, 18.-22.06.2012.
- V28. KUNZE, G., U. HÄHNEL, J. RIECHEN, J.H. LISTEWNIK, F. BISCHOFF & R. PÄTZ (vorgetragen von KUNZE, G.): Herstellung von n-Butanol in der Hefe *Arxula adenivorans*. – 16. Heiligenstädter Kolloquium, Heilbad Heiligenstadt, 24.-26.09.2012.
- V29. MOCK, H.-P.: Mass spectrometry based imaging of barley seed development. – 4<sup>th</sup> International Symposium on Frontiers in Agriculture Proteome Research (FAPR) . Wuhan/China, 08.-11.11.2012.
- V30. SCHUBERT, I., I. LERMONTOVA, T. RUTTEN, J. FUCHS, D. KOSZEGI, I. MORAES, V. SCHUBERT & O. KOROLEVA (vorgetragen von SCHUBERT, I.): Centromere maintenance via CENH3. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V31. SCHUBERT, I.: DNA damage and repair from the perspective of a cytogeneticist. – EMBO Workshop “Genetic Stability and Change: Genome Maintenance Mechanisms in Plants”, Roscoff/France, 02.-05.05.2012.
- V32. SCHUBERT, I.: Principles of karyotype evolution. – 10<sup>th</sup> International Ph.D. Student Conference on Experimental Plant Biology, Brno/Czech Republic, 03.-05.09.2012.
- V33. SCHUBERT, I.: Plant centromeres. – Next Generation Plant Science Symposium 2012 “New techniques and applications” (PostDoc-Initiative des MPIPZ), Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 26.-28.09.2012.
- V34. SCHUBERT, I.: Functional chromosome dynamics with a link to synthetic green biotechnology. – 90<sup>th</sup> Anniversary Meeting of the Society for Biotechnology, Japan, International Symposium on Biotechnology for Green Growth, Kobe/Japan, 24.-26.10.2012.
- V35. SCHWEIZER, P.: RNAi silencing technology in cereals for durable resistance to fungal pathogens. – 3<sup>rd</sup> International Ascochyta Workshop, Cordoba/Spain, 22.-26.04.2012.
- V36. SCHWEIZER, P.: Race-nonspecific resistance of barley to powdery mildew – one trait, many genes. – GPZ Genome Research Working Group, 10. Conference – Plant Stress and Genomics, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 18.-20.09.2012.
- V37. SCHWEIZER, P.: Race-nonspecific resistance of barley to powdery mildew – one trait, many genes. – ARC Meeting “Plant Cell Wall Biology”, Brisbane/Australia, 24.10.2012.
- V38. SHARBEL, T.F.: Copy number variation (CNV) between sexual and apomictic *Boecheira* demonstrates differential purging of genomic parasites. – EU COST Apomixis Workshop, Porto/Portugal, 09.-11.06.2012.
- V39. SHARBEL, T.F.: Evolutionary approaches to deciphering the functional switch from sexual to asexual (apomictic) reproduction in natural plant populations. – EU COST Summer Course on Plant Breeding, Ghent/Belgium, 22.-26.08.2012.
- V40. SHARBEL, T.F.: Evolutionary approaches to deciphering the functional switch from sexual to asexual (apomictic) reproduction in natural plant populations. – 56<sup>th</sup> Italian Society of Agricultural Genetics Annual Congress, Perugia/Italy, 17.-20.09.2012.
- V41. STEIN, N.: cGH analysis of the barley genome utilizing NimbleGen microarrays. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V42. STEIN, N.: A physical map of the barley genome – hub for gene isolation, genome diversity analysis and genome sequencing. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V43. STEIN, N.: Genome-wide physical map and draft sequence of its gene space – a game-changing step for barley molecular genetics and crop improvement. – The 11<sup>th</sup> International Barley Genetics Symposium (IBGS), Hangzhou/China, 15.-20.04.2012.
- V44. STEIN, N.: Unlocking the 5 gigabase barley genome by next generation sequencing. – Next Generation Genomics, Helsinki/Finland, 12.-14.09.2012.
- V45. STEIN, N.: Genomics-based barley biology and crop improvement now. – B-Debate: The Future of Plant Genomes. Harvesting Genes for Agriculture, Barcelona/Spain, 09.-11.10.2012.

- V46. VON WIRÉN, N.: Micronutrient signaling in *Arabidopsis thaliana*. – International Conference on Plant Growth, Nutrition & Environment Interactions, Vienna/Austria, 18.-21.02.2012.
- V47. VON WIRÉN, N.: Ionomics-based identification of transcriptional regulators involved in nutrient accumulation in *Arabidopsis*. – iHUB Meeting, Donald Danforth Plant Science Center, St. Louis/USA, 26.04.2012.
- V48. VON WIRÉN, N.: Recent advances in iron transport research. – 16<sup>th</sup> International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants, Amherst, Massachusetts/USA, 17.-21.06.2012.
- V49. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Hispano-Luso XIV Symposium on Mineral Nutrition of Plants, Madrid/Spain, 23.-26.07.2012.
- V50. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – International Workshop and Meeting of the German Society of Plant Nutrition 2012 “Challenges for Plant Nutrition in Changing Environments”, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Bonn, 05.-08.09.2012.
- V51. WEISE, S., J. CHEN, C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, M. KLAPPERSTÜCK, M. LANGE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER (vorgetragen von WEISE, S.): Using bioinformatics data integration for facilitating systems biological approaches – the MetaCrop information system. – International Conference on Plant Growth, Nutrition & Environment Interactions, Vienna/Austria, 18.-21.02.2012.
- V52. WILLNER, E.: Forage grasses – *Poa* Central Crop Database Development and assigning most original sample towards defining an European Forage Collection (EFC). – ECPGR/AEGIS Workshop, Taposzele/Hungary, 30.01.-03.02.2012.
- 2013**
- V1. ALTMANN, T.: Research strategy and technology platforms for assessment and elucidation of plant performance determinants and mechanisms. – Sino-German Workshop on Genetics and Biotechnology of Rapeseed, Hangzhou/China, 04.-06.04.2013.
- V2. ALTMANN, T.: Plant phenotyping at IPK Gatersleben: installations accessible through EPPN and examples of current applications. – 2<sup>nd</sup> EPPN Workshop “Plant Phenotyping”, Porto Heli/Greece, 05.09.2013.
- V3. BIENERT, G.P., N. VON WIRÉN & F. CHAUMONT (vorgetragen von BIENERT, G.P.): NtXIP1;1 is a plasma membrane aquaporin that facilitates the transport of several uncharged substrates, including boric acid. – 17<sup>th</sup> International Plant Nutrition Colloquium (IPNC) “Plant nutrition for nutrient and food security” Boron Satellite Meeting, Istanbul/Turkey, 17.-18.09.2013.
- V4. BLATTNER, F.R. & J. BRASSAC (vorgetragen von BLATTNER, F.R.): Removing the dashes from the *Hordeum* phylogeny: NGS analysis of nuclear single-copy loci. – 7<sup>th</sup> International Triticeae Symposium, Chengdu/China, 09.-13.06.2013.
- V5. BORISJUK, L., H. ROLLETSCHKE, G. MELKUS, J. FUCHS, T. NEUBERGER & P. JAKOB (vorgetragen von BORISJUK, L.): NMR based functional imaging in living plant NMR based functional imaging in living plant. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V6. BÖRNER, A., M. NAGEL, U. LOHWASSER, M.A. REHMAN ARIF, E.K. KHLESTKINA & M. S. RÖDER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Maintenance and evaluation of plant genetic resources – the Durum view. – International Symposium “Genetics and Breeding of Durum Wheat”, Rome/Italy, 27.-30.05.2013.
- V7. BÖRNER, A., E.K. KHLESTKINA, S. CHEBOTAR, R.K. VARSHNEY, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, U. LOHWASSER & M. S. RÖDER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Molecular tools for the characterization and utilization of plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA). – Indraprastha International Conference on Biotechnology (IICB-2013), New Delhi/India, 22.-25.10.2013.
- V8. CAO, X.H.: Chromosomal integration of the *Spirodela polyrhiza* reference genome. – 2<sup>nd</sup> International Conference on Duckweed Research and Applications, Rutgers, the State University New Jersey, New Brunswick, New Jersey/USA, 21.-24.08.2013.
- V9. CONRAD, U.: Fusion protein purification with inverse transition cycling of elastin-like polypeptides. – OECD Workshop “Plant made vaccines as an alternative to antibiotics: countering antimicrobial resistance to veterinary bacterial diseases and ensuring human food safety”, London, Ontario/Canada, 25.-27.09.2013.
- V10. CORRAL, J.M., H. VOGEL, O.M. ALIYU, G. HENSEL, T. THIEL, J. KUMLEHN & T.F. SHARBEL (vorgetragen von SHARBEL, T.F.): APOLLO: a candidate allele linked to apomeiosis in *Boechnera*. – Plant and Animal Genome XXI. Conference, San Diego/USA, 11.-16.01.2013.
- V11. DEHMER, K.J.: Potential of plant genetic resources in Mecklenburg for biomass production. – German-Russian Forum Biotechnology 2013, Rostock/Warnemünde, 04.-05.06.2013.
- V12. DOUCHKOV, D.: Micro- and macrophenomics tools for barley-pathogen interactions. – International Blumeria Molecular Biology and Technology Workshop, Wuhan/China, 03.12.2013.
- V13. GILS, M.: A transgenic pollination control systems for hybrid wheat breeding. – Plant Genetics 2013: Plant Genetics and Breeding Technologies, Vienna/Austria, 18.-20.02.2013.
- V14. GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, A. ESCHENRÖDER, J. MÜLLER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER (vorgetragen von JUNKER, B.H.): Multiscale metabolic modeling: dynamic flux balance analysis on a whole plant scale. – Plant Metabolic Engineering Gordon Research Conference 2013, Waterville Valley/USA, 07.-12.07.2013.
- V15. GRANER, A.: Genomics assisted approaches to valorize genetic resources of barley. – Plant Genetics 2013:

- Plant Genetics and Breeding Technologies, Vienna/Austria, 18.-20.02.2013.
- V16. GRANER, A.: Domestication of the barley genome: a community effort. – Plant and Animal Genome Conference ASIA 2013 (PAG-ASIA), Translational Genomics Workshop, Singapore, 17.-19.03.2013.
- V17. GRANER, A.: Taming the barley genome: a stepwise community effort. – 3<sup>rd</sup> International Symposium on Genomics of Plant Genetic Resources (GPGR 3), Jeju/Korea, 16.-19.04.2013.
- V18. GRUBER, B.D., R.F.H. GIEHL, S. FRIEDEL & N. VON WIRÉN (vorgetragen von GRUBER, B.D.): Plasticity of the *Arabidopsis* root system under nutrient deficiencies. – 30<sup>th</sup> Annual Interdisciplinary Plant Group Symposium “Root Biology”, Columbia, Missouri/USA, 29.-31.05.2013
- V19. HAMMER, K. & H. KNÜPFER (vorgetragen von KNÜPFER, H.): Genetic resources of *Triticum*. – 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium (IWGS), Yokohama/Japan, 08.-14.09.2013.
- V20. HARPKE, D., H. KERNDORFF, N. RANDELOVIĆ & V. RANDELOVIĆ (vorgetragen von HARPKE, D.): New insights into phylogeny of *Crocus* (Iridaceae) on the Balkan Peninsula. – 11<sup>th</sup> Symposium on the flora of southeastern Serbia and neighboring regions, Vlasina/Serbia, 13.-16.06.2013.
- V21. HOSSEINI, S.A., N. SREENIVASULU, M.R. HAJIREZAEI & N. VON WIRÉN (vorgetragen von HOSSEINI, S. A.): Influence of potassium deficiency on metabolites in different barley lines during drought stress. – 17<sup>th</sup> International Plant Nutrition Colloquium (IPNC) “Plant nutrition for nutrient and food security”, Istanbul/Turkey, 19.-22.08.2013.
- V22. HOUBEN, A.: NGS-based analysis of a selfish chromosome. – 2<sup>nd</sup> Workshop on the Application of Next Generation Sequencing to Repetitive DNA Analysis in Plants, Institute of Plant Molecular Biology, České Budějovice/Czech Republic, 13.-15.02.2013.
- V23. HOUBEN, A.: Chromosome engineering: future tools for plant breeding. – XVII Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas, University Lavras/Brazil, 11.-12.07.2013.
- V24. HOUBEN, A.: How to become and stay selfish? – IV Polish Kongres Genetyki, Poznań/Poland, 10.-13.09.2013.
- V25. KILIAN, B.: Exploiting environmental adaptation in cultivated barley – using a novel divergent selection strategy. – Plant and Animal Genome XXI. Conference, QTL Cloning workshop, San Diego/USA, 11.-16.01.2013.
- V26. KILIAN, B.: Grain germplasm genomics – valorizing genetic diversity stored in genebanks for cereal improvement. – Plant and Animal Genome XXI. Conference, Genomics of Genebanks workshop, San Diego/USA, 11.-16.01.2013.
- V27. KILIAN, B.: Major initiatives to improve wheat production in Europe. – 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium (IWGS), Yokohama/Japan, 08.-14.09.2013.
- V28. KILIAN, B.: WHEALBI – a major initiative to improve wheat production in Europe. – Global Crop Diversity Trust, Bonn, 12.12.2013.
- V29. KUMLEHN, J.: Pollen embryogenesis and haploid technology in barley. – VIII International Symposium on In Vitro Culture and Horticultural Breeding, Coimbra/Portugal, 02.-07.06.2013.
- V30. KUNZE, G.: Non-conventional yeasts – suitable biocatalysts for new biotechnological products. – FEMS 2013 – 5<sup>th</sup> Congress of European Microbiologists, Leipzig, 21.-25.07.2013.
- V31. PELLINO, M. & T.F. SHARBEL (vorgetragen von PELLINO, M.): Asexual genome evolution in the apomictic *Ranunculus auricomus* complex: examining the effects of hybridization and mutation accumulation. – VIII Meeting of Biotechnology REDBIO 2013 for Latin America and the Caribbean, Mar del Plata/Argentina, 18.-22.11.2013.
- V32. SCHNURBUSCH, T.: Opportunities to increase grain number in cereals. – SEB Valencia 2013 (Annual Main Meeting of the Society of Experimental Biology), Valencia/Spain, 03.-06.07.2013.
- V33. SCHOLZ, U.: Efficient management of NGS data and analysis results at a Plant Research Institute. – Plant Genomics Congress, London/UK, 13.-14.05.2013.
- V34. SCHREIBER, F.: A framework for computational systems biology and some applications. – Plant Genetics 2013: Plant Genetics and Breeding Technologies, Vienna/Austria, 18.-20.02.2013.
- V35. SCHREIBER, F.: A framework for computational systems biology and some applications. – German-Russian Forum Biotechnology 2013, Rostock/Warnemünde, 04.-05.06.2013.
- V36. SCHREIBER, F.: Layout and translation methods for SBGN, the standard for graphical representations of biological networks and cellular processes – 3<sup>rd</sup> International Workshop on Visualization in Medicine and Life Sciences 2013 (VMLS 2013), Leipzig, 16.-18.06.2013.
- V37. SCHREIBER, F.: Visualisation of biological networks and data. – 14<sup>th</sup> International Conference on Systems Biology (ICSB2013), Copenhagen/Denmark, 30.08.-03.09.2013.
- V38. SCHREIBER, F.: From big data to smart knowledge – integrating multimodal biological data and modelling metabolism. – OzViz 2013 Workshop, Melbourne/Australia, 09.-10.12.2013.
- V39. SCHWEIZER, P.: RNAi technology for durable resistance of crop plants to fungal pathogens. – 17<sup>th</sup> Reinhardsbrenn Symposium on Modern Fungicides and Antifungal Compounds, Friedrichroda, 21.-25.04.2013.
- V40. SCHWEIZER, P.: Genomics and pathogens. – Danish Cereal Network Meeting, Copenhagen/Denmark, 12.11.2013.
- V41. SCHWEIZER, P.: Broad-spectrum resistance of barley to fungal pathogens: one trait – many genes. – International Blumeria Molecular Biology and Technology Workshop, Wuhan/China, 03.12.2013.
- V42. SHARBEL, T.F.: Molecular evolutionary approaches to deciphering apomixis. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.

- V43. SHARBEL, T.F.: Molecular evolutionary approaches to elucidating the switch from sex to apomixis in wild plant populations. – Conférence Jaques Monod “Recent advances on the evolution of sex and genetic systems”, Roscoff/France, 22.-26.05.2013.
- V44. SHARBEL, T.F.: Evolutionary approaches to deciphering the functional switch from sexual to asexual (apomictic) reproduction in natural plant populations. – VIII Meeting of Biotechnology REDBIO 2013 for Latin America and the Caribbean, Mar del Plata/Argentina, 18.-22.11.2013.
- V45. SREENIVASULU, N.: Systems biology perspectives to unravel global abiotic stress response. – 57<sup>th</sup> Italian Society of Agricultural Genetics (SIGA) Annual Meeting, Foggia/Italy, 16.-19.09.2013.
- V46. STEIN, N.: The barley gene-ome – a tutorial to data access. – Plant and Animal Genome XXI. Conference, San Diego/USA, 11.-16.01.2013.
- V47. STEIN, N.: The barley gene-ome. – Plant and Animal Genome XXI. Conference, San Diego/USA, 11.-16.01.2013.
- V48. STEIN, N.: Sequencing of the barley genome: implications for the barley industry. – 16<sup>th</sup> Australian Barley Technical Symposium (ABTS), Melbourne/Australia, 08.-11.09.2013.
- V49. VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – SEB Valencia 2013 (Annual Main Meeting of the Society of Experimental Biology), Valencia/Spain, 03.-06.07.2013.
- V50. VON WIRÉN, N.: Plasticity of root system architecture in dependence of internal and external nutrient supplies. – 17<sup>th</sup> International Plant Nutrition Colloquium (IPNC) “Plant nutrition for nutrient and food security”, Istanbul/Turkey, 19.-22.08.2013.
- V51. VON WIRÉN, N.: Regulation of ammonium transport and sensing in plant roots. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V52. VON WIRÉN, N.: Regulation of ammonium transport and sensing in plant roots. – 2<sup>nd</sup> International Symposium on the Nitrogen Nutrition of Plants (Nitrogen 2013), Puerto Varas/Chile, 18.-22.11.2013.
- V53. WILLNER, E.: State of the European Poa Database: Progress in Identification of “Originality”, “Primary Holder” and EFC candidate (ECCDB-POA). – ECPGR/AEGIS Forage Workshop 2, Alnarp/Sweden, 09.-11.04.2013.
- V54. WILLNER, E.: Management of C&E Data in IPK Genebank with the GeneBankInformationSystem (GBIS). – ECPGR/AEGIS Forage Workshop 2, Alnarp/Sweden, 09.-11.04.2013.
- V55. WILLNER, E.: *Ex situ* conservation of genetic resources of forage and turf species in the IPK Genebank. – 30<sup>th</sup> EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Section Meeting, Vrnjacka Banja/Serbia, 12.-16.05.2013.
- V56. WILLNER, E.: Autochthones Grünland als genetisches Reservoir für die Züchtung. – BLE/IBV-Symposium Agrobiodiversität im Grünland – nutzen und schützen, Berlin, 12.-13.11.2013.

## Weitere Vorträge/Other Lectures

### 2012

- V1. ALLAM, M.: Seed longevity in oilseed rape. – Oberseminar Pflanzenzüchtung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 19.01.2012.
- V2. ALLAM, M., M. NAGEL, R. SNOWDON, W. FRIEDT & A. BÖRNER (vorgetragen von ALLAM, M.): Genetic studies on seed longevity of oilseed rape (*Brassica napus* L.) stored under different storage conditions. – GPZ/GPW Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft Saatgut- und Sortenwesen “Saatguterhaltung und Nutzbarmachung von Kulturpflanzen und heimischen Wildarten”, Osna-brück, 08.-09.05.2012.
- V3. ALLAM, M., M. NAGEL, R. SNOWDON, W. FRIEDT, C. MÖLLERS & A. BÖRNER (vorgetragen von ALLAM, M.): Different seed viability after natural and experimental ageing suggesting genetic control of seed longevity. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V4. ALTMANN, T.: PLANT-KBBE: CornFed, integration of advanced mapping and phenotyping methods to identify key alleles for building European maize ideotypes: biomass (yield and quality for feed and bioenergy). – PLANT 2030 Status Seminar 2012, Potsdam, 06.-08.03.2012.
- V5. ALTMANN, T.: Genetic variation and heterosis of plant growth and metabolism. – EPPN Workshop “European Plant Phenotyping Network: Transnational Access to IPK Phenotyping Installations”, Warsaw/Poland, 11.-12.05.2012.
- V6. ALTMANN, T.: Genetic variation and heterosis of plant growth and metabolism. – Institutstage am Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm, 30.-31.05.2012.
- V7. ALTMANN, T.: Molecular and genetic analysis of biomass- and metabolite-heterosis in *Arabidopsis* and maize. – European Plant Breeding Academy, Gatersleben, 25.-30.06.2012.
- V8. AREND, D., M. LANGE, C. COLMSEE, S. FLEMMING, J. CHEN & U. SCHOLZ (vorgetragen von AREND, D.): The e!DAL-JAVA API: store, share and cite primary data in life science. – 3<sup>rd</sup> International German/Russian Summer School in “Integrative Biological Pathway Analysis and Simulation” (IB-PAS 2012), Bielefeld, 18.-21.06.2012.
- V9. AREND, D., M. LANGE, C. COLMSEE, S. FLEMMING, J. CHEN & U. SCHOLZ (vorgetragen von AREND, D.): The e!DAL-JAVA API: store, share and cite primary data in life science. – IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), Philadelphia/USA, 04.-07.10.2012.
- V10. BAKER, S.M.: A parameter estimation framework for kinetic models of biological systems. – Workshop “Parameter Estimation for Dynamical Systems”, PEDS (II), Eindhoven/The Netherlands, 04.-06.06.2012.

- V11. BERNHARDT, N., B. KILIAN & F. R. BLATTNER (vorgetragen von BERNHARDT, N.): Analysis of phylogenetic relationships among Triticeae grasses. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V12. BLATTNER, F.R.: Molecular fossils – multilocus phylogenetic analysis infers extinct taxa from polyploids. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V13. BORISJUK, L.: Functional imaging on plants. – Biotechnology Center for Agriculture and the Environment, Department Seminar, Rutgers University, New Brunswick/USA, 04.06.2012.
- V14. BORISJUK, L.: Non-invasive solution: harnessing NMR for study on crop seed. – Meeting of Chinese Academy of Sciences and Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, IPK, Gatersleben, 10.09.2012.
- V15. BÖRNER, A.: Die Kulturpflanzenbank in Gatersleben – Grundlage für künftige Pflanzenzüchtung. – Plant Breeding Seminar, Universität für Bodenkultur, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenzüchtung, Vienna/Austria, 28.03.2012.
- V16. BÖRNER, A.: Plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) – conservation and utilization. – Seminar, Universität für Bodenkultur, Universität und Forschungszentrum, Tulln/Austria, 28.03.2012.
- V17. BÖRNER, A.: Research on seed longevity, the case of wheat. – 3<sup>rd</sup> Meeting of the ECPGR Working Group Wheat, Piešťany/Slovakia, 15.-17.05.2012.
- V18. BÖRNER, A., E.K. KHELESTKINA, T.A. PSHENICHNIKOVA, S.V. OSIPOVA, B. KOBILJSKI, S. LANDJEVA, M.R. SIMON, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, K. NEUMANN, U. LOHWASSER & M. S. RÖDER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Genetics and genomics of plant genetic resources. – PlantGen 2012, The 2<sup>nd</sup> International Conference “Plant Genetics, Genomics, and Biotechnology”, Irkutsk/Russia, 30.07.-03.08.2012.
- V19. BÖRNER, A.: Genetic resources for crop improvement in future breeding. – International Conference “Biotechnology and Plant Breeding, Perspectives towards Food Security and Sustainability”, Radzikow/Poland, 10.-12.09.2012.
- V20. BÖRNER, A.: Longevity of crop seeds stored in *ex situ* genebank collections. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V21. BÖRNER, A.: Plant genetic resources conservation in Germany – the impact of Nikolai Ivanovich Vavilov. – III International Vavilov Conference “N.I. Vavilov’s Ideas in the Modern World”, St. Petersburg/Russia, 06.-09.11.2012.
- V22. BÖRNER, A.: Molecular tools for investigating plant genetic resources. – Global Crop Diversity Trust, Annual Genebank Meeting, Rome/Italy, 19.-23.11.2012.
- V23. BRASSAC, J. & F. R. BLATTNER (vorgetragen von BRASSAC, J.): Phylogenetic relationships of *Hordeum* polyploids (Poaceae, Triticeae) inferred from sequences of *TOPO6*, a nuclear low-copy gene region. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V24. CHAMAS, A., M. GIERSBERG, K. SIMON, S. UHLIG, S. SCHMIEDER, F. SONNTAG & G. KUNZE (vorgetragen von CHAMAS, A.): Development of a new biosensor for the quantitative detection of the cancer-related ERBB2 protein based on the Surface Plasmon Resonance (SPR) platform. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V25. CHEN, D.: High-throughput plant phenomic data analysis using the Integrated Analysis Platform (IAP). – DAAD collaboration: Phenotyping Seminar – The Plant Accelerator, The University of Adelaide, Adelaide/Australia, 01.-07.12.2012.
- V26. CONRAD, U., N. WEICHERT, V. HAUPTMANN, D. KNOCH, M. MENZEL, N. PAEGE, U. SPOHN & M. GILS (vorgetragen von CONRAD, U.): Production, purification and characterization of native-sized spider silk proteins in plants. – 18<sup>th</sup> International Conference for Renewable Resources and Plant Biotechnology (NAROSSA 2012), Magdeburg, 04.-05.06.2012.
- V27. CZAUDERNA, T.: Systems Biology Graphical Notation, layout and related matters. – Monash University, Clayton/Australia, 02.03.2012.
- V28. CZAUDERNA, T. & F. SCHREIBER (vorgetragen von CZAUDERNA, T.): SBGN-ED – working with the Systems Biology Graphical Notation. – HARMONY 2012: The Hackathon on Resources for Modeling in Biology, Maastricht/The Netherlands, 21.-25.05.2012.
- V29. CZAUDERNA, T. & F. SCHREIBER (vorgetragen von SCHREIBER, F.): SBGN Bricks and SBGN-ED. – COMBINE 2012 (Computational Modeling in Biology Network), Toronto/Canada, 15.-19.08.2012.
- V30. DAGHMA, D.S., R. LIPPMANN, G. HENSEL, A. CZIHAI, M. MASCHER, T. RUTTEN, A. MATROS, C. GRZYCKA, D. KÖSZEGI, L. ALTSCHMIED, U. SCHOLZ, H. BÄUMLEIN, H.-P. MOCK, M. MELZER & J. KUMLEHN (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Molecular and structural analysis of pollen embryogenesis in barley. – XXII International Congress on Sexual Plant Reproduction “Plant Reproduction for Food” (Melbourne 2012), University of Melbourne, Melbourne/Australia, 13.-17.02.2012.
- V31. DAGHMA, D.S., R. LIPPMANN, G. HENSEL, A. CZIHAI, M. MASCHER, T. RUTTEN, A. MATROS, C. GRZYCKA, D. KÖSZEGI, L. ALTSCHMIED, U. SCHOLZ, H. BÄUMLEIN, H.-P. MOCK, M. MELZER & J. KUMLEHN (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Molecular and structural analysis of pollen embryogenesis in barley. – The 11<sup>th</sup> International Barley Genetics Symposium (IBGS), Hangzhou/China, 15.-20.04.2012.
- V32. DEHMER, K.J.: Die Teilsammlungen Nord der IPK-Genbank, SÖF Malchow – molekulare Forschungsprojekte und Ergebnisse. – GFP Sommertagung der Abteilung Futterpflanzen, Malchow/Poel, 24.04.2012.
- V33. DEHMER, K.J.: Three ways to find a pool (or more): comparison of DArT, SNP and SSR markers in elucidating heterotic pools in *Lolium perenne* L. – 7<sup>th</sup> International Symposium on Molecular Breeding of Forage and Turf (MBFT), Salt Lake City, Utah/USA, 04.-07.06.2012.

- V34. DEHMER, K.J. & K. DIEKMANN (vorgetragen von DEHMER, K.J.): The Retrokartoffel project and its impacts on the management of IPK's potato collections. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V35. DIEKMANN, K.: The Retrokartoffel – new markers for an old crop. – GPZ Annual Conference "Breeding crops for sustainable agricultural production", Gießen, 28.02.-01.03.2012.
- V36. DOUCHKOV, D., G. HENSEL, J. KUMLEHN & P. SCHWEIZER (vorgetragen von DOUCHKOV, D.): Cell-wall based host- and nonhost resistance of barley against powdery mildew. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V37. ENTZIAN, A.: Report functionality of IAP for high-throughput analysed data. – DAAD collaboration: Phenotyping Seminar – The Plant Accelerator, The University of Adelaide, Adelaide/Australia, 01.-07.12.2012.
- V38. EROGLU, S. & N. VON WIRÉN (vorgetragen von EROGLU, S.): Iron deficiency problem in humans and contribution of plant science to the solution. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V39. FINKE, A.: Genetic analysis of RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference "Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation", Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V40. FINKE, A., M. KUHLMANN & M. F. METTE (vorgetragen von FINKE, A.): Genetic analysis of RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V41. FINKE, A.: Genetic analysis of RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. – 10<sup>th</sup> International Ph.D. Student Conference on Experimental Plant Biology, Brno/Czech Republic, 03.-05.09.2012.
- V42. FLEISCHER, F., C. VOLKMAR, U. LOHWASSER & A. BÖRNER (vorgetragen von FLEISCHER, F.): Prüfung von Winterweizenherkünften auf Anfälligkeit gegenüber Weizen gallmücken (*Sitodiplosis mosellana*, *Contarinia tritici*). – 58. Deutsche Pflanzenschutztagung, Technische Universität Braunschweig, 10.-14.09.2012.
- V43. GAWRONSKI, P., R. ARIYADASA, N. POURSAEBANI, A. HIMMELBACH, B. STEURNAGEL, N. STEIN, P. GOULD, A. HALL & T. SCHNURBUSCH (vorgetragen von GAWRONSKI, P.): Analysis of the *earliness per se 3A<sup>m</sup>* locus (*Eps-3A<sup>m</sup>*) in an einkorn wheat mutant (*Triticum monococcum* L.) revealed a link to the circadian clock. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V44. GAWRONSKI, P., R. ARIYADASA, N. POURSAEBANI, A. HIMMELBACH, B. STEURNAGEL, G. HENSEL, J. KUMLEHN, B. KILIAN, N. STEIN, P. GOULD, A. HALL & T. SCHNURBUSCH (vorgetragen von GAWRONSKI, P.): Disruption of circadian clock caused by the *earliness per se 3A<sup>m</sup>* locus (*Eps-3A<sup>m</sup>*) contributes to early flowering in wheat (*Triticum* sp. L.). – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V45. GERSON, L., S. HARTMANN, M. PROBST & K. J. DEHMER (vorgetragen von GERSON, L.): Genetic drift in perennial ryegrass populations: analysis of phenotypic data, Illumina genotyping assays and candidate genes. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V46. GERSON, L., K.J. DEHMER & S. HARTMANN (vorgetragen von GERSON, L.): Beobachtung der Effekte natürlicher Selektion auf Populationen bei Deutschem Weidelgras und Erarbeitung von Selektionshilfen für das Merkmal "Ausdauer". – DLG-Gräserntagung, Bonn, 06.11.2012.
- V47. GIERTH, D.: Genotypic variability in root activity and nitrogen efficiency. – KWS Einbeck, 22.11.2012.
- V48. GILS, M.: Pollination control systems for hybrid breeding. – European Plant Breeding Academy, Gatersleben, 25.-30.06.2012.
- V49. GILS, M.: Novel approaches for hybrid breeding. – University of Vienna, Vienna/Austria, 12.09.2012.
- V50. GRANER, A.: Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben: Struktur – Forschungskonzept – Genbank. – GFP Sommertagung der Abteilung Futterpflanzen, Malchow/Poel, 24.04.2012.
- V51. GRANER, A.: Forschen und Lehren: Karriere in der Wissenschaft. – Agrar-Karrieretag, Martin-Luther-Universität, Halle/S., 07.05.2012.
- V52. GRANER, A.: Genomics informed valorization of Plant Genetic Resources: opportunities and constraints. – Seminar, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Institute of Vegetable and Flowers, Beijing/China, 22.06.2012.
- V53. GRANER, A.: Wheat research at IPK: foci and perspectives. – Weizensymposium, Green Gate Gatersleben, IPK, 29.10.2012.
- V54. HARTMANN, A.: Petri nets in VANTED: simulation of barley seed metabolism. – 3<sup>rd</sup> International Workshop on Biological Processes & Petri Nets (BioPPN 2012), Hamburg, 25.06.2012.
- V55. HAUPTMANN, V., N. WEICHERT, M. MENZEL, J. GUEGUEN, U. SPÖHN, M. GILS & U. CONRAD (vorgetragen von HAUPTMANN, V.): Plant-based production of native-sized spider silk proteins and their characterization. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V56. HEINZEL, N.: Metabolic state of rape seed during zygotic development: comparative approach on transgenic lines. – Sea-Meeting, Hannover, 31.01.-03.02.2012.
- V57. HENSEL, G., C. BERGER, S. BIERI, C. BOLLMANN, A. BRUCHMÜLLER, D. DOUCHKOV, S. FRIEDEL, S. GOEDECKE, E. GRÜTZEMANN, M. GURUSHIDZE, A. HIMMELBACH, S. LÜCK, C. MARTHE, A. MÜLLER, I. OTTO, J. RIECHEN, P. SCHWEIZER & J. KUMLEHN (vorgetragen von HENSEL, G.): RNAi silencing technology in cereals for durable resistance to fungal pathogens. – BIT's 3<sup>rd</sup> World DNA and Genome Day (WDD-2012) "Milestones of the Great Bioindustry", Xi'an/China, 25.-27.04.2012.
- V58. HENSEL, G., S. GOEDECKE, A. BRUCHMÜLLER, C. BOLLMANN, C. MARTHE, S. BROEDERS, T. RUTTEN & J. KUMLEHN (vorgetragen

- von HENSEL, G.): RNAi silencing technology in cereals for durable resistance to fungal pathogens. – BIT's 5<sup>th</sup> World Congress of Biotechnology (ibio-2012), Xi'an/China, 25.-28.04.2012.
- V59. HERRMANN, K. & F. R. BLATTNER (vorgetragen von HERRMANN, K.): Changes in flowering time and their genetic and ecological background within three diploid *Hordeum* species from Patagonia. – First Annual Consortium Meeting DFG Priority Program 1530: Flowering time control – from natural variation to crop improvement, Kiel, 22.-24.02.2012.
- V60. HERRMANN, K.: Multiplex sequence capture for 454 Sequencing. – First Young Investigator Meeting of DFG Priority Program 1530: Flowering time control – from natural variation to crop improvement, Halle/S., 18.-20.06.2012.
- V61. HOUBEN, A.: Chromosome elimination. – Royal Botanic Gardens, Kew, London/UK, 19.01.2012.
- V62. HOUBEN, A.: Battle of genome, or how to eliminate your partner? – SFB Seminar, Universität Regensburg, 16.02.2012.
- V63. HOUBEN, A.: Origin and behaviour of selfish chromosomes, also known as B chromosomes. – Kolloquium Systematische Botanik, Ludwig-Maximilians-Universität, München, 04.07.2012.
- V64. HOUBEN, A.: Origin and drive mechanism of a B chromosome. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V65. JUNKER, B.H.: Systems biology approaches for the production of pharmaceuticals in plants. – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 16.04.2012.
- V66. KELLER, E.R.J.: Cryopreservation of pollen as complementary strategy for genebanks. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V67. KELLER, E.R.J.: Einsatz der Kryokonservierung zur Erhaltung von pflanzengenetischen Ressourcen in der Bundeszentralen Kulturpflanzenbank Gatersleben im Umfeld des pflanzlichen Genbankwesens. – Mitgliederversammlung der Gemeinschaft Deutscher Kryobanken GDK, München, 14.-15.11.2012.
- V68. KILIAN, B.: Accessing genetic diversity for barley improvement. – Seminar, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 13.01.2012.
- V69. KLEMMER, S., M.M. MARTIS, A.M. BANAEI MOGHADDAM, K.F.X. MEYER, T. WICKER, J. MACAS, U. SCHOLZ, F. BULL, T. SCHMUTZER, H. SIMKOVA, J. DOLEZEL, N. STEIN, J. FUCHS & A. HOUBEN (vorgetragen von KLEMMER, S.): DNA composition and evolution of a selfish chromosome. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference "Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation", Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V70. KLEMMER, S., M.M. MARTIS, A.M. BANAEI MOGHADDAM, K.F.X. MEYER, T. WICKER, J. MACAS, U. SCHOLZ, F. BULL, T. SCHMUTZER, H. SIMKOVA, J. DOLEZEL, N. STEIN, J. FUCHS & A. HOUBEN (vorgetragen von KLEMMER, S.): Evolution of a selfish chromosome. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V71. KLUKAS, C. & A. ENTZIAN (vorgetragen von KLUKAS, C.): Basics of image analysis for plant phenotyping. – Lecture, IPK, Gatersleben, 14.03.2012.
- V72. KLUKAS, C.: Analysis of high-throughput plant image data with the information system IAP. – 2012 International Symposium on Integrative Bioinformatics (IB2012), College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou/China, 02.-04.04.2012.
- V73. KLUKAS, C.: Analysis of high-throughput plant image data with the information system IAP. – Visit to the Center for Bioinformatics, Huazhong Agricultural University, Wuhan/China, 21.11.2012.
- V74. KLUKAS, C.: IAP – a platform for processing of high-throughput plant phenomic data. – DAAD collaboration: Phenotyping Seminar – The Plant Accelerator, The University of Adelaide, Adelaide/Australia, 01.-07.12.2012.
- V75. KNÜPFER, H.: Hans Stubbe's expedition to Crete in 1942 to collect plant genetic resources. – 2<sup>nd</sup> International Conference "Phytogenetic Wealth and Agricultural Heritage of the Aegean Islands", Santorini/Greece, 06.-07.07.2012.
- V76. KNÜPFER, H.: Hans Stubbe's expedition to Crete in 1942 to collect plant genetic resources. – Mediterranean Agronomic Institute of Chania, Chania, Crete/Greece, 10.07.2012.
- V77. KNÜPFER, H.: Characterisation and evaluation data in the IPK Genebank information system. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V78. KOPPOLU, R., N. ANWAR, S. SAKUMA, G. GOVIND, R. ARIYADASA, M. POURKHEIRANDISH, A. HIMMELBACH, U. LUNDQVIST, N. STEIN, N. SREENIVASULU, T. KOMATSUDA & T. SCHNURBUSCH (vorgetragen von KOPPOLU, R.): *Vrs4* mediates determinacy of the triple spikelet meristem in barley. – The 11<sup>th</sup> International Barley Genetics Symposium (IBGS), Hangzhou/China, 15.-20.04.2012.
- V79. KUHLMANN, M.: Absence of *AtERI* enhances frequency of PTGS in *Arabidopsis thaliana*. – 7<sup>th</sup> Meeting of GBM Study Group RNA Biochemistry and GfG CenAG Regulatory RNAs "RNA trafficking", Bochum, 04.-07.10.2012.
- V80. KUMLEHN, J.: Grüne Gentechnik – biologische, agronomische und ethische Aspekte. – Vergabekongress Sachsen-Anhalt, IPK, Gatersleben, 08.05.2012.
- V81. KUMLEHN, J.: Grüne Gentechnik – biologische, agronomische und ethische Aspekte. – IPK, Gatersleben, 30.05.2012.
- V82. LANGE, M., D. SCHÜLER, D. AREND, C. COLMSEE, S. FLEMMING & U. SCHOLZ (vorgetragen von LANGE, M.): Management of scientific data at the IPK: LIMS, information retrieval and data citation. – 3<sup>rd</sup> International German/Russian Summer School in "Integrative Biological Pathway Analysis and Simulation" (IB-PAS 2012), Bielefeld, 18.-21.06.2012.
- V83. LANGE, M.: Information retrieval in life sciences: the LAILAPS search engine. – 4. Workshop über Daten in den Lebenswissenschaften: Datenbanken als Kommunikationszentrum; Workshop im Rahmen der 42.



- Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik e.V. (GI), Braunschweig, 16.-21.09.2012.
- V84. LERMONTOVA, I. & I. SCHUBERT (vorgetragen von SCHUBERT, I.): Plant centromeres – and centromere maintenance via CENH3. – Central European Institute of Technology, Faculty of Information Technology, Brno University of Technology, Brno/Czech Republic, 12.06.2012.
- V85. LOHWASSER, U.: The Solanaceae collection of the German genebank. – 1<sup>st</sup> Meeting of the ECPGR Solanaceae Working Group, Menemen/Turkey, 15.-17.02.2012.
- V86. LOHWASSER, U. & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Saatgutqualität – von der Domestikation zum Qualitätsmanagement. – 22. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, Bernburg, 21.-22.02.2012.
- V87. LOHWASSER, U.: *Ex situ* conservation of plant genetic resources. – CD Seed Workshop, Addis Ababa/Ethiopia, 05.-06.03.2012.
- V88. LOHWASSER, U.: Futterpflanzen und Futterleguminosen in der Genbank Gatersleben – Erhaltung und Screening als Ressource für Forschung und Züchtung. – GFP-Sitzung Abteilung Futterpflanzen, Gollwitz/Poel, 24.-25.04.2012.
- V89. LOHWASSER, U., M.A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Lokalisierung von Genomregionen für Auswuchs und Dormanz bei Gerste und Weizen mittels klassischer QTL-Kartierung und Assoziationskartierung. – GPZ/GPW Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft Saatgut- und Sortenwesen "Saatguterhaltung und Nutzbarmachung von Kulturpflanzen und heimischen Wildarten", Osnabrück, 08.-09.05.2012.
- V90. LOHWASSER, U., M. A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Studies on pre-harvest sprouting and dormancy in wheat and barley applying segregation and association mapping approaches. – EUCARPIA, 19<sup>th</sup> General Congress "Plant Breeding for Future Generations", Budapest/Hungary, 21.-24.05.2012.
- V91. LOHWASSER, U.: Conservation of plant genetic resources – an example IPK. – National Center for Agricultural Research and Extension (NCARE), Baqa'/Jordan, 06.06.2012.
- V92. LOHWASSER, U., A. DITTBRENNER & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Genebank collections – resources for new drugs? – Breedmap 5, 5<sup>th</sup> International Symposium "Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants", Vienna/Austria, 18.-20.06.2012.
- V93. LOHWASSER, U.: *Ex situ* conservation of plant genetic resources at IPK Gatersleben. – Institute of Biodiversity Conservation (IBC), Addis Ababa/Ethiopia, 19.11.2012.
- V94. MA, L.: Generation of engineered chromosomes in barley. – Royal Botanic Gardens, Kew, London/UK, 20.01.2012.
- V95. MASCHER, M., I. I. SCHUBERT, U. U. SCHOLZ & S. FRIEDEL (vorgetragen von MASCHER, M.): Patterns of nucleotide asymmetries in plant and animal genomes. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference "Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation", Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V96. MASCHER, M., B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, D.J. GERHARDT, T.A. RICHMOND, J.A. JEDDELOH, S. TAUDIEN, M. PLATZER, K.F.X. MAYER, G.J. MUEHLBAUER, R. WAUGH, A.J. FLAVELL & N. STEIN (vorgetragen von MASCHER, M.): The barley exome capture: a new resource for genomic research in barley. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V97. MATROS, A.: Invasive Spektralanalytik zur Quantifizierung von Inhaltsstoffen. – Workshop „Industrielle Anwendungen hyperspektraler Messtechnik“, Fraunhofer IFF, Magdeburg, 27.06.2012.
- V98. MEHLHORN, H.: Nutrilizer: a tool for genomic stoichiometry. – 2012 International Symposium on Integrative Bioinformatics (IB2012), College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou/China, 02.-04.04.2012.
- V99. MEHLHORN, H.: IDPredictor: predict database links in biomedical database. – 2012 International Symposium on Integrative Bioinformatics (IB2012), College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou/China, 02.-04.04.2012.
- V100. MEHLHORN, H.: The world of biological database identifiers. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V101. MELZER, M., T. RUTTEN, G. HENSEL, J. KUMLEHN & D. S. DAGHMA (vorgetragen von MELZER, M.): "To be or not to be": Structural characterization and visualization of pollen embryogenesis (POEM) in barley. – Faculty of Biology and Environment Protection, University of Silesia, Katowice/Poland, 12.01.2012.
- V102. MELZER, M., T. RUTTEN, G. HENSEL, J. KUMLEHN & D. S. DAGHMA (vorgetragen von MELZER, M.): Structural changes during the initiation of pollen embryogenesis. – Microscopy and Microanalysis 2012 (M&M 2012) "Barley: Ultrastructure analysis and live cell imaging", Phoenix/USA, 29.07.-02.08.2012.
- V103. MELZER, M.: Histological and ultrastructural analysis of plant tissue using light, scanning and transmission electron microscopy. – IPK Graduate School, IPK, Gatersleben, 05.11.2012.
- V104. MELZER, M.: It's a small small world: methods and applications for light and electron microscopy in plant research. – Institut für Molekulare Physiologie und Biotechnologie der Pflanzen, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Bonn, 14.12.2012.
- V105. METTE, M.F.: Genetic analysis of RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. – 43<sup>rd</sup> Annual Conference of the German Genetics Society and GRK 1413 "Chromatin and Epigenetics", Essen, 05.-07.09.2012.
- V106. METTE, M.F.: RNA-directed DNA methylation – a mechanism of epigenetic gene regulation. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V107. MEYER, R.C., M. MURAYA, D. RIEWE & T. ALTMANN (vorgetragen von MEYER, R.C.): IPK phenotyping and analysis platforms for the EPPN reference experiment. – EPPN Project Meeting, Montpellier/France, 11.-12.07.2012.

- V108. MOCK, H.-P.: Sekundäre Inhaltsstoffe in Getreidekaryopsen als Qualitätsmerkmal. – Eröffnungsveranstaltung des WissenschaftsCampus Halle - Pflanzenbasierte Bioökonomie, Halle/S., 08.06.2012.
- V109. NAGEL, M. & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Using genome-wide association mapping to elucidate environmental effects on barley seed survival. – GPZ Annual Conference “Breeding crops for sustainable agricultural production”, Gießen, 28.02.-01.03.2012.
- V110. NAGEL, M., V. SCHEIBAL & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Einfluss der Samenfarbe auf die Langlebigkeit von Gartenbohnen (*Phaseolus vulgaris* L.). – GPZ/GPW Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft Saatgut- und Sortenwesen “Saatguterhaltung und Nutzbarmachung von Kulturpflanzen und heimischen Wildarten”, Osnabrück, 08.-09.05.2012.
- V111. NAGEL, M., S. NAVACODE, M. BAUM, M. NACHIT, M.S. RÖDER & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Drought stress at the seedling stage – a new population providing deeper insights in Durum. – GPZ Genome Research Working Group, 10. Conference – Plant Stress and Genomics, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 18.-20.09.2012.
- V112. NAGEL, M., S. NAVACODE, V. SCHEIBAL, M. BAUM, M. NACHIT, M.S. RÖDER & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Durum in a changing climate – osmotic stress at the seedling stage. – 63. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Gumpenstein/Österreich, 19.-21.11.2012.
- V113. NEHRlich, S.: Entwicklung der Öl- und Futterpflanzensortimente – 17 Jahre Projekt-Kooperationen am Standort Malchow. – GFP-Sommertagung der Abteilung Futterpflanzen, Malchow/Poel, 24.04.2012.
- V114. NEUMANN, K.: Quantifizierung von Trockenstresssymptomen in Gerste – nicht invasive Phänotypisierung durch automatisierte Bilderfassung mit der LemnaTec Scanalyzer 3D-Anlage. – Kolloquium Pflanzenzüchtung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 19.06.2012.
- V115. OTTO, L.-G., M. SONNENSCHNEIN, A. PLESCHER, B. FÄHNRIch, C. FRANZ & T.F. SHARBEL (vorgetragen von OTTO, L.-G.): Triploidie: Ein Weg zur Steigerung der Effizienz des Anbaus von Kamille (*Matricaria recutita* L.) in Deutschland? – Seminar, Bernburg, 21.-22.02.2012.
- V116. PERNER, K., A. GRANER & F. ORDON (vorgetragen von PERNER, K.): High resolution mapping of a *BaYMV/BaYMV-2* resistance gene located on barley chromosome 5H. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V117. PEUKERT, M., A. MATROS & H.-P. MOCK (vorgetragen von PEUKERT, M.): Mass spectrometric imaging revealed metabolic compartmentation related to endosperm development during storage phase of barley grains. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V118. POURSAREBANI, N., H. WITSENBOER, H. VAN LIERE, U. SCHOLZ, N. STEIN & T. SCHNURBUSCH (vorgetragen von POURSAREBANI, N.): Whole Genome Profiling™ for physical mapping of wheat chromosome 6A. – International Wheat Genome Sequencing Consortium Workshop, Fargo ND/USA, 24.06.2012.
- V119. POURSAREBANI, N., R. ARIYADASA, D. SCHULTE, Z. ROUNAN, B. STEUERNAGEL, T. NUSSBAUMER, L. MA, T. SCHMUTZER, M.M. MARTIS, U. SCHOLZ, A. HOUBEN, K. MAYER, A. GRANER & N. STEIN (vorgetragen von POURSAREBANI, N.): A genetically anchored physical map of barley chromosome 2H. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V120. RADCHUK, R.: A hormone regulated signal transduction pathway in developing pea seeds: the role of SNF1-related protein kinase and ABA. – Texas A&M University, Department of Plant Physiology and Microbiology, Texas/USA, 25.07.2012.
- V121. REHMAN ARIF, M.A., U. LOHWASSER & A. BÖRNER (vorgetragen von REHMAN ARIF, M.A.): Seeds and genes for future agriculture – an association mapping approach to identify loci for seed life in wheat (*Triticum aestivum* L.). – 36<sup>th</sup> All Pakistan Science Conference “National Prosperity through Livestock and Poultry Development”, Dera Ismail Khan/Pakistan, 12.-13.11.2012.
- V122. RIEWE, D.: Research at the IPK-Gatersleben. – International Rice Research Institute (IRRI), Los Banos/Philippines, 17.05.2012.
- V123. RÖDER, M.S.: Pectin esterase inhibitor genes in barley – a novel class of resistance genes? – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V124. ROLLETSCHEK, H.: Hypoxia – a regular phenomenon shaping seed metabolism. – Kolloquium, Gottfried Wilhelm Leibniz Universität, Hannover, 18.01.2012.
- V125. ROLLETSCHEK, H.: Energienutzungseffizienz in Pflanzen und Konzepte zu deren Steigerung. – Kolloquium, Gottfried Wilhelm Leibniz Universität, Hannover, 19.07.2012.
- V126. ROLLETSCHEK, H.: Zur Physiologie der Pflanze unter Sauerstoffmangel. – Kolloquium, Gottfried Wilhelm Leibniz Universität, Hannover, 07.10.2012.
- V127. ŠARHANOVÁ, P., R.J. VAŠUT, K.A. GEETHA, T.F. SHARBEL, M. DANČÁK, M. KITNER & B. TRÁVNÍČEK (vorgetragen von ŠARHANOVÁ, P.): Microevolutionary processes in Central European *Rubus* populations: apomixis versus sexuality – stability versus innovation. – EU COST Apomixis Workshop, Porto/Portugal, 09.-11.06.2012.
- V128. SCHMIDT, R.: Multiplex genotyping in *Brassicaceae*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V129. SCHNURBUSCH, T.: Spike branching in wheat and barley. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V130. SCHNURBUSCH, T.: Barley's triple spikelet meristem is controlled by *Vrs4* (*six-rowed spike 4*). – Joint 22<sup>nd</sup> ITMI Summer Workshop and 4<sup>th</sup> U.S. National Wheat Genomics Workshop, Fargo ND/USA, 25.-29.06.2012.
- V131. SCHNURBUSCH, T.: Barley's triple spikelet meristem is controlled by *Vrs4* (*six-rowed spike 4*). – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.

- V132. SCHOLZ, U.: Barley, Bytes and BIT. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V133. SCHREIBER, F.: Eine Bioinformatik-Umgebung für Stoffwechselmodellierung und Datenanalyse. – IT<sup>2</sup>-Tag Halle/S., 08.05.2012.
- V134. SCHREIBER, F.: Computational systems biology – a framework and biological applications notation. – 3<sup>rd</sup> International German/Russian Summer School in “Integrative Biological Pathway Analysis and Simulation” (IB-PAS 2012), Bielefeld, 18.-21.06.2012.
- V135. SCHREIBER, F.: Visualisation of biological data. – Georg-August-Universität, Göttingen, 29.06.2012.
- V136. SCHREIBER, F.: Vanted – an open source system for visual analysis of biological networks and experimental data. – Open Source Software for Systems, Pathways, Interactions and Networks, Hinxton/UK, 14.-16.11.2012.
- V137. SCHUBERT, I.: Rigomar Rieger und Arnd Michaelis. – Gemini der Pflanzencytogenetik. – Gemeinsame Vortragstagung der AG Geschichte der Pflanzenzüchtung der GPZ e.V. und der Deutschen Gesellschaft für Geschichte und Theorie der Biologie e.V. (DGGTB), Halle/S., 14.-15.03.2012.
- V138. SCHUBERT, I. & I. LERMONTOVA (vorgetragen von SCHUBERT, I.): Centromere maintenance via CenH3. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V139. SCHUBERT, I.: Functional chromosome dynamics in plants. – Kolloquium, University of Osaka, Osaka/Japan, 26.10.2012.
- V140. SCHUBERT, V.: The condensin subunit CAP-D2B is involved in euchromatin condensation and prevents centromeric heterochromatin association in *Arabidopsis* nuclei. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference “Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation”, Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V141. SCHWARZ, M., M. KUNZE, K. BECKER, H.-M. VORBRÖDT, M. PIONTEK & G. KUNZE (vorgetragen von SCHWARZ, M.): Glycosidase as biocatalyst for the establishment of sugar derivatives for biomedicine and biotechnology. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V142. SCHWEIZER, P.: Functional evidence for genes underlying resistance QTL in barley to powdery mildew. – Plant and Animal Genome XX. Conference, San Diego/USA, 14.-18.01.2012.
- V143. SCHWEIZER, P., J. KUMLEHN, H. DEISING, D. STAHL, F. SCHMITT, J.-D. CHAUVIN, F. PANABIERES & A. DI PIETRO (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): Plant-KBBE dsRNAguard: host-induced gene silencing by RNAi in fungal and oomycete pathogens for healthier and safer food. – PLANT 2030 Status Seminar 2012, Potsdam, 06.-08.03.2012.
- V144. SCHWEIZER, P., J. KUMLEHN, K. PILLEN, R. HÜCKELHOVEN, U. SCHAFFRATH, U. SEIFFERT, V. KORZUN, M. GÖTZ, L. MALYSHEVA-OTTO & G. FINCHER (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): Barley Fortress: targeted exploitation of basal defense genes for pathogen resistance in barley. – PLANT 2030 Status Seminar 2012, Potsdam, 06.-08.03.2012.
- V145. SCHWEIZER, P.: Nonhost resistance of *Triticeae* species to the powdery mildew fungus. – Botanisches Kolloquium, Georg-August-Universität, Göttingen, 24.06.2012.
- V146. SCHWEIZER, P.: Durable plant resistance (series of 3 seminars). – Huahong Agricultural University, Wuhan/China, 10.-12.09.2012.
- V147. SCHWEIZER, P.: Receptor-like kinases in non-host resistance of wheat and barley against powdery mildew. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V148. SEIDENSTICKER, T., T. FUSCA, T. RUTTEN, U. LUNDQVIST, N. STEIN, L. ROSSINI & T. SCHNURBUSCH (vorgetragen von SEIDENSTICKER, T.): *COMPOSITUM2* – a suppressor of spike branching in barley. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- V149. SHARBEL, T.F.: Evolutionary approaches to deciphering the functional switch from sexual to asexual (apomictic) reproduction in natural plant populations. – Eberhard-Karls-Universität, Tübingen, 21.05.2012.
- V150. SHARBEL, T.F.: Evolutionary approaches to deciphering the functional switch from sexual to asexual (apomictic) reproduction in natural plant populations. – Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 23.05.2012.
- V151. SHARBEL, T.F.: Apollo: a candidate allele linked to apomeiosis in *Boechea*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V152. SHI, R.: Iron mobilization is promoted in senescent barley leaves. – 16<sup>th</sup> International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants, Amherst, Massachusetts/USA, 17.-21.06.2012.
- V153. SPIES, A., R. SHARMA, G. HENSEL, R. AGHNOUM, S. REHMAN, D. DOUCHKOV, J. RAJARAMAN, J. KUMLEHN, R. NIKS, A. GRANER, B. KILIAN & P. SCHWEIZER (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): Converging evidence for a major role of the cell-death regulator Lsd1 in race-nonspecific powdery mildew resistance of wild and cultivated barley. – The 11<sup>th</sup> International Barley Genetics Symposium (IBGS), Hangzhou/China, 15.-20.04.2012.
- V154. SREENIVASULU, N., V.T. HARSHAVARDHAN, C. SEILER, K. RAJESH, H. ROLLETSCHKE, V. KORZUN, G. HENSEL, J. KUMLEHN & U. WOBUS (vorgetragen von SREENIVASULU, N.): GABI-GRAIN: barley stay-green with altered abscisic acid flux in developing grain exhibit differential ABA signalling responses and promotes optimum seed filling under terminal drought stress. – PLANT 2030 Status Seminar 2012, Potsdam, 06.-08.03.2012.
- V155. SREENIVASULU, N.: Deciphering the holistic view of grain quality using complementary genomic approaches. – International Rice Research Institute, Metro Manila/Philippines, 07.06.2012.
- V156. SREENIVASULU, N.: Exploring yield enhancement genes influencing grain number and seed growth under drought. – Interdisziplinäres Zentrum für Nutzpflanzenforschung (IZN), Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 11.-12.10.2012.
- V157. SREENIVASULU, N.: Entwicklung von stresstoleranten Gerstenlinien mit verbessertem Samenanatz und

- ertrag bei Sommertrockenheit. – BMELV-Innovationsstage, Bonn, 29.-30.10.2012.
- V158. STEIN, N.: A physical map of the barley genome – hub for gene isolation, genome diversity analysis and genome sequencing. – Seminar, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 15.02.2012.
- V159. STEIN, N.: WP2: construction of anchored physical maps. – TriticeaeGenome Final Meeting (EU/FP7 project), Versailles/France, 14.-16.05.2012.
- V160. STEIN, N.: The barley genome. – Institutstag IPK, Gatersleben, 24.-26.09.2012.
- V161. STEIN, N.: Liquid phase exome capture in barley – new perspectives for the 5 Gbp genome. – Next Generation Plant Science Symposium 2012 “New techniques and applications” (Postdoc-Initiative des MPIPZ), Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 26.-28.09.2012.
- V162. TEO, C.H.: Towards construction of engineered plant minichromosomes. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference “Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation”, Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V163. TIKHENKO, N., N. TSVETKOVA, A. HOUBEN, T. RUTTEN, A. SENULA, J. KELLER, A. VOYLOKOV & A. BÖRNER (vorgetragen von TIKHENKO, N.): Embryo lethality in wheat-rye hybrids – a confirmation of the Dobzhansky-Müller model. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference “Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation”, Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V164. TREUTLER, H.: The world of biological database identifiers. – IPK, Gatersleben, 05.06.2012.
- V165. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – University of New York, New York/USA, 22.06.2012.
- V166. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Michigan State University, East Lansing/USA, 25.06.2012.
- V167. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Plant Science Dept. Carnegie Institution, Stanford/USA, 27.06.2012.
- V168. VON WIRÉN, N.: Nutrient signaling and morphological adaptations of plants to changing nutrient availabilities. – Summer School des DFG-Graduiertenkollegs 1342, Julius-Maximilians-Universität, Würzburg, 19.07.2012.
- V169. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – University of Lausanne, Department of Plant Molecular Biology, Lausanne/Switzerland, 03.09.2012.
- V170. VU, G.T.H., F. BULL, T. SCHMUTZER, H.X. CAO, J. FUCHS, G. DORADO, J. MACAS, F.R. BLATTNER, T.D. TRAN, G. JOVTCHEV, M. PÉREZ-JIMÉNEZ, P. HERNÁNDEZ, A. PECINKA, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT (vorgetragen von SCHUBERT, I.): Evolutionary forces driving genome size divergence in the genus *Genlisea* – from half of the *A. thaliana* genome to the twenty-fold. – 2<sup>nd</sup> International Mendel Workshop “Structural and Functional Diversity of Genomes”, Brno/Czech Republic, 23.-25.04.2012.
- V171. VU, G.T.H., H.X. CAO, F. BULL, T. SCHMUTZER, J. FUCHS, G. DORADO, J. MACAS, F.R. BLATTNER, T.D. TRAN, G. JOVTCHEV, M. PÉREZ-JIMÉNEZ, P. HERNÁNDEZ, A. PECINKA, P. DEAR, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT (vorgetragen von VU, G.T.H.): Genome size evolution in the genus *Genlisea* – from half of the *A. thaliana* genome to the twenty-fold. – 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference “Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation”, Gatersleben, 23.-25.04.2012.
- V172. WEBER, H.: Relationship between senescence-induced N remobilization and seed filling in barley. – DFG-Antragskolloquium FOR 948, Bonn, 03.-04.05.2012.
- V173. WEICHERT, N., D. KNOCH, V. HAUPTMANN, N. PAEGE, M. MENZEL, U. SPOHN, M. GILS & U. CONRAD (vorgetragen von WEICHERT, N.): Production, purification and characterization of native-sized spider silk protein in plants. – COST Meeting Molecular Farming, Vienna/Austria, 16.-17.02.2012.
- V174. WILLNER, E.: Ein Rückblick auf 20 Jahre Entwicklung der Teilsammlungen Nord (Öl- und Futterpflanzensortimente) am Standort Malchow. – GFP-Sommertagung der Abteilung Futterpflanzen, Malchow/Poel, 24.04.2012.
- V175. YANG, P., T. LÜPKEN, B. KILIAN, R. ARYADASA, A. HABEKUSS, A. HIMMELBACH, A. GRANER, F. ORDON & N. STEIN (vorgetragen von YANG, P.): Positional isolation of the gene *rym11* conferring immunity to BaMMV and BaYMV. – 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 04.-07.06.2012.
- 2013**
- V1. ALQUDAH, A.M.: Genetics of pre-anthesis spike development in barley (*Hordeum vulgare* L.). – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V2. ALTMANN, T.: Talents for a bio-economy 2030, skills, competences, and capacities required for integrated plant research. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.
- V3. ALTMANN, T.: OPTIMAL – genetic and biomarker-based predictive breeding of maize cultivars. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.
- V4. ALTMANN, T.: Plant phenotyping at IPK Gatersleben – installations and approaches. – Nimwegen/The Netherlands, 15.05.2013.
- V5. ALTMANN, T.: Assessment of vegetative growth and heterosis phenotypes and identification of causal genetic variation. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V6. AREND, D.: The e!DAL JAVA-API: store, share and cite primary data in life sciences. – International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013, 9<sup>th</sup> Annual Meeting, IPK, Gatersleben, 18.-20.03.2013.
- V7. AREND, D.: Sharing, versioning and annotating SBML models using the e!DAL data repository API. – COM-

- BINE 2013 (Computational Modeling in Biology Network), Paris/France, 16.-20.09.2013.
- V8. BAGHALIAN, K.: Stoichiometric modeling approach for organisms interaction. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V9. BAKHSH, A.: Genetic studies of drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.) using genome-wide association mapping approaches. – Oberseminar Pflanzenzüchtung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 23.04.2013.
- V10. BANAEI-MOGHADDAM, A.M., S. KLEMMER & A. HOUBEN (vorgetragen von HOUBEN, A.): The B chromosome of rye is a by-product whole genome evolution and is rich in transcriptional active pseudogene-like fragments. – 19<sup>th</sup> International Chromosome Conference 2013, Bologna/Italy, 02.-06.09.2013.
- V11. BAUDISCH, B.: Protein degradation in planta: F-box nanobody fusions as selective tools. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V12. BAUMLEIN, H.: Mutant alleles of the *EFFECTOR OF TRANSCRIPTION* gene family. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V13. BEBELI, P., K. THOMAS, R. THANOPOULOS & H. KNÜPFER (vorgetragen von BEBELI, P.): Can we still find landraces in Europe after 2000? Investigations in Lemnos and Lefkada. – International Plant Breeding Congress, Antalya/Turkey, 10.-14.11.2013.
- V14. BERNHARDT, N.: Finding the tree(s) hidden by the forest – analysis of phylogenetic relationships among *Triticeae* grasses. – 7<sup>th</sup> International Triticeae Symposium, Chengdu/China, 09.-13.06.2013.
- V15. BIENERT, G.P.: How do crop plants deal with the essential and highly toxic metalloids boron and arsenic? – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V16. BIENERT, G.P.: Aquaporins: a never ending story of new isoforms and surprising regulations and functions. – Plenary Lecture, Vita-Salute San Raffaele University Congress Centre Milano, Milano/Italy, 18.11.2013.
- V17. BLATTNER, F.R.: *Hordeum* – a model genus for temperate grasses. – Studium Generale Kolloquium Biodiversität, Ruhr-Universität Bochum, Bochum, 16.01.2013.
- V18. BLATTNER, F.R.: *Hordeum* – a model genus for temperate grasses. – Biologisches Kolloquium, Universität Kassel, Kassel, 17.01.2013.
- V19. BLATTNER, F.R.: 10 years of research in the evolution of *Hordeum* – an overview. – IEB Seminar Series, Westfälische Wilhelms-Universität Münster, Münster 26.02.2013.
- V20. BLATTNER, F.R.: Analysis of climate niche evolution in *Hordeum* grasses. – Institute of Biodiversity, University of Vienna, Vienna/Austria, 27.05.2013.
- V21. BLATTNER, F.R.: *Hordeum*-research towards a model genus for temperate grasses. – Institute of Botany of the Czech Academy of Sciences, Pruhonice/Czech Republic, 29.05.2013.
- V22. BÖRNER, A.: Conservation and utilisation of plant genetic resources – the German *ex situ* genebank in Gatersleben. – Institute of Soil Science and Plant Cultivation State Research Institute, Pulawy/Poland, 24.01.2013.
- V23. BÖRNER, A., M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, B. KOBILJSKI, K. NEUMANN & U. LOHWASSER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Genetic dissection of seed longevity and dormancy by applying new molecular marker technologies. – 30<sup>th</sup> ISTA Congress – Seed Symposium, Antalya/Turkey, 12.-18.06.2013.
- V24. BÖRNER, A., M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, B. KOBILJSKI, K. NEUMANN & U. LOHWASSER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Genetic tools for the dissection of quantitative traits seed longevity and dormancy – segregation via genome-wide association mapping. – 4<sup>th</sup> Workshop on the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination, Paris/France, 09.-12.07.2013.
- V25. BÖRNER, A.: Plant genetic resources maintained via seed storage – management and research. – Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing/China, 05.11.2013.
- V26. BÖRNER, A.: Plant genetic resources – the basis for future breeding. – Graduate Student Symposium: Future Challenges of Plant Breeding “Preparing the next generation”, Universität Hohenheim, Stuttgart, 18.11.2013.
- V27. BÖRNER, A.: Plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) – *ex situ* collections. – Expert Consultation Workshop “Use of wheat wild relatives for wheat improvement”, Bonn, 11.-13.12.2013.
- V28. BOYLU, B.: Exploring genotypic variation in barley root traits. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V29. COLMSEE, C., M. MASCHER, T. CZAUDERNA, A. HARTMANN, A. BRÄUTIGAM, T.R. PICK, A.P.M. WEBER, F. SCHREIBER & U. SCHOLZ (vorgetragen von COLMSEE, C.): OPTIMAS-DW: a case study for -omics integration, visualisation and analysis in maize. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V30. COLMSEE, C., T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, M. LANGE, M. MASCHER, S. WEISE, U. SCHOLZ & F. SCHREIBER (vorgetragen von COLMSEE, C.): OPTIMAS-DW, Meta-Crop and VANTED: a case study for data integration, curation and visualisation in life sciences. – INFORMATIK 2013 - 43. Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik, Koblenz, 16.-20.09.2013.
- V31. CONRAD, U.: Multimerization of plant-produced proteins-tools for enhancing the immune response as well as the mechanical properties of protein-derived structures. – COST Action FA0804 Molecular Farming Final Conference, Valencia/Spain, 05.-08.05.2013.
- V32. CZAUDERNA, T.: Status update LibSBGN. – SBGN-9 Meeting (Systems Biology Graphical Notation), Edinburgh/Scotland, 29.04.-02.05.2013.
- V33. CZAUDERNA, T.: LibSBGN – issues and milestone 3. – SBGN-9 Meeting (Systems Biology Graphical Notation), Edinburgh/Scotland, 29.04.-02.05.2013.
- V34. CZAUDERNA, T.: A (brief) introduction to the Systems Biology Graphical Notation. – Tutorial ICSB2013, Copenhagen/Denmark, 04.09.2013.

- V35. CZAUDERNA, T.: Linking between COMBINE standards. – COMBINE 2013 (Computational Modeling in Biology Network), Paris/France, 16.-20.09.2013.
- V36. CZAUDERNA, T.: Update SBGN-ML and LibSBGN. – COMBINE 2013 (Computational Modeling in Biology Network), Paris/France, 16.-20.09.2013.
- V37. CZAUDERNA, T. & A. JUNKER (vorgetragen von CZAUDERNA, T.): SBGN usage – paper review. – COMBINE 2013 (Computational Modeling in Biology Network), Paris/France, 16.-20.09.2013.
- V38. CZAUDERNA, T. & N. LE NOVÈRE (vorgetragen von CZAUDERNA, T.): Symbol of the month. – COMBINE 2013 (Computational Modeling in Biology Network), Paris/France, 16.-20.09.2013.
- V39. DEHMER, K.J.: The Gross Luesewitz potato collections – IPK's genetic resources as source of new and improved traits for potato breeding. – 17<sup>th</sup> Joint Meeting of EAPR Breeding and Varietal Assessment Section and EUCARPIA Section, Hévíz/Hungary, 30.06.-04.07.2013.
- V40. DIEKMANN, K.: ISAP markers to elucidate diversity within the IPK potato collections. – 17<sup>th</sup> Joint Meeting of EAPR Breeding and Varietal Assessment Section and EUCARPIA Section, Hévíz/Hungary, 30.06.-04.07.2013.
- V41. FUCHS, F., F. FLEISCHER, M. MÄNNEL, M. RICHTER, A. BÖRNER, U. LOHWASSER, M. TAYLOR & C. VOLKMAR (vorgetragen von FUCHS, F.): Evaluierung eines Weizensortimentes hinsichtlich Resistenz gegenüber Weizengallmücken und Thysanopteren. – Entomologentagung 2013, Göttingen, 18.-21.03.2013.
- V42. FUCHS, J., T.D. TRAN, G. JOVTCHEV, H.X. CAO, P. NEUMANN, P. NOVÁK, J. MACAS, J. FAJKUS, G.T.H. VU & I. SCHUBERT (vorgetragen von FUCHS, J.): Two *Genlisea* species with an eighteen-fold genome size difference – a cytogenetic characterization. – 19<sup>th</sup> International Chromosome Conference 2013, Bologna/Italy, 02.-06.09.2013.
- V43. GIERSBERG, M.: A new generation of *Arxula* based assays to detect environmental pollutants. – 26<sup>th</sup> International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Satellite Symposium "*Hansenula* and *Arxula*", Frankfurt a.M., 03.09.2013.
- V44. GILS, M.: A novel hybrid seed system for wheat. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V45. GILS, M.: Ein gentechnologisches System zur Erzeugung von Hybridweizen. – 6. Wissenschaftliches Symposium, Verband Deutscher Mühlen, Würzburg, 07.-08.11.2013.
- V46. GRAFAHREND-BELAU, E.: Mathematical modeling of plant metabolic processes. – Molecular Life Sciences 2013 (International Symposium of the German Society for Biochemistry and Molecular Biology), Frankfurt a.M., 03.-06.10.2013.
- V47. GRAFAHREND-BELAU, E.: Multiscale metabolic modeling: dynamic flux balance analysis on a whole-plant scale. – JCB Workshop "Bioinformatics meets Biodiversity", Jena, 23.-24.09.2013.
- V48. GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, A. ESCHENRÖDER, J. MÜLLER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER (vorgetragen von JUNKER, B.H.): Multiscale metabolic modeling: dynamic flux balance analysis on a whole plant scale. – Molecular Life Sciences 2013 (International Symposium of the German Society for Biochemistry and Molecular Biology), Frankfurt/M., 03.-06.10.2013.
- V49. GRANER, A.: Genombasierte Nutzbarmachung pflanzengenetischer Ressourcen: Möglichkeiten und Grenzen. – 3. Quedlinburger Pflanzenzüchtungstage, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, 25.-26.02.2013.
- V50. GRANER, A.: 25 Jahre Genomforschung bei Gerste: *per aspera ad astra*. – Seminar, Justus-Liebig-Universität, Gießen, 25.06.2013.
- V51. GRANER, A.: Genomics based valorization of plant genetic resources. – Seminar, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, 27.11.2013.
- V52. GRANER, A.: *Ex situ* conservation of plant genetic resources. – Seminar, Universität Kassel, Fachbereich Ökologische Agrarwissenschaften, Kassel, 12.12.2013.
- V53. GRÜNEISEN, B. & F. SCHREIBER (vorgetragen von SCHREIBER, F.): Building tissue circuit-boards for systems biology modelling. – Tissue Knowledge Management Workshop, Brussels/Belgium, 30.-31.10.2013.
- V54. GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Designer endonuclease-mediated gene targeting in barley. – Plant Genetics 2013: Plant Genetics and Breeding Technologies, Vienna/Austria, 18.-20.02.2013.
- V55. GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Application of the TALENs technology for gene targeting in plants. – Kolloquium Pflanzenzüchtung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 21.06.2013.
- V56. GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): Designer nuclease mediated gene knockout in barley – a TALEN approach. – Molekulare Präzisionszüchtung, Workshop der Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie, Gatersleben, 12.-13.09.2013.
- V57. GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): Designer endonuclease-mediated gene targeting in barley. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V58. GURUSHIDZE, M., R. KARIMI ASHTIYANI, S. SCHEDEL, S. HIEKEL, G. HENSEL, M. NIESSEN, K. SCHMIDT, N. STEIN, A. HOUBEN & J. KUMLEHN (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): HAPLOIDS – novel haploid technology resting upon uniparental genome elimination. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.
- V59. HAJIREZAEI, M.R.: Role of primary metabolism in abiotic stress: an update of current knowledge. – Universität Hamburg, Abteilung Holzbiologie, Hamburg, 20.06.2013.
- V60. HENSEL, G.: TALE-nuclease-mediated gene targeting in barley. – 3<sup>rd</sup> International Powdery Mildew Workshop, Copenhagen/Denmark, 29.-30.08.2013.
- V61. HENSEL, G.: Expression systems for the production of pharmaceutical or technical proteins in barley. –

- 1<sup>st</sup> Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 09.-12.09.2013.
- V62. HENSEL, G.: Transgenic barley in applied research and biotechnology. – AgriGenomics World Congress, Norwich/UK, 24.-25.09.2013.
- V63. HENSEL, G., S. SAKUMA, M. POURKHEIRANDISH, N. STEIN, T. KOMATSUDA & J. KUMLEHN (vorgetragen von HENSEL, G.): Restoration of lateral spikelet fertility in two-rowed barley by RNA-interference of *Vrs1*. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V64. HENSEL, G.: Genetic engineering of cereals – basic methods and new applications by designer nuclease-mediated gene targeting. – Biozentrum, Hamburg Kleinflottbeck, 06.11.2013.
- V65. HIEKEL, S., M. GURUSHIDZE, S. SCHEDEL, R. KARIMI ASHTIYANI, G. HENSEL, A. HOUBEN & J. KUMLEHN (vorgetragen von HIEKEL, S.): Generation of doubled-haploid rye via CENH3 modification – a TALEN approach. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V66. HIEKEL, S., M. GURUSHIDZE, S. SCHEDEL, R. KARIMI ASHTIYANI, G. HENSEL, A. HOUBEN & J. KUMLEHN (vorgetragen von HIEKEL, S.): Generation of doubled-haploid rye via CENH3 modification – a TALEN approach. – 5<sup>th</sup> European Plant Science Retreat Conference, Ghent/Belgium, 23.-26.07.2013.
- V67. HILPERT, S.: Apomixis in *Poa pratensis* – analysis of apomixis candidate genes for heterosis fixation. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V68. HOSSEINI, S.A., N. SREENIVASULU, M.R. HAJIREZAEI & N. VON WIRÉN (vorgetragen von HOSSEINI, S.A.): Influence of potassium deficiency on metabolites in different barley lines during drought stress. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V69. HOUBEN, A.: Biology of B chromosomes. – University of Vienna, Vienna/Austria, 29.04.2013.
- V70. HOUBEN, A.: How to eliminate your partner? – Gregor Mendel Institute, Vienna/Austria, 30.04.2013.
- V71. HOUBEN, A.: How to become and to stay selfish? – SFB 924, Technische Universität München, 13.05.2013.
- V72. HOUBEN, A.: Origin and regulation of rye B chromosomes. – Triticeae Cytogenetics: Past, Present, and Future, a satellite meeting of the 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, Kyoto University, Kyoto/Japan, 15.-16.09.2013.
- V73. HOUBEN, A.: Evolution of rye B chromosomes. – B-day: Workshop on Cytogenomics of B Chromosomes, Botucatu/Brazil, 29.10.2013.
- V74. HOUBEN, A.: Biology of B chromosomes. – Heinrich-Heine-Universität, Düsseldorf, 09.12.2013.
- V75. JAENECKE, C.: Map-based cloning and functional validation of a QTL for grain size in wheat. – Plant Genetics 2013: Plant Genetics and Breeding Technologies, Vienna/Austria, 18.-20.02.2013.
- V76. JOST, M.: Cloning of the gene *Laxatum* (*lax.a*) – prospects from an improving barley genomics infrastructure. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V77. JUNKER, A.: SBGN from the user's perspective. – SBGN-9 Meeting (Systems Biology Graphical Notation), Edinburgh/Scotland, 29.04.-02.05.2013.
- V78. JUNKER, A.: Phenotyping plants: imaging-based methods for analyzing plant biomass, architecture, physiology, and efficiency. – 1<sup>st</sup> Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 09.-12.09.2013.
- V79. KELLER, E.R.J., A. SENULA, M. GRÜBE, K. DIEKMANN & K.J. DEHMER (vorgetragen von KELLER, E. R. J.): Fifteen years of cryopreservation in the IPK Genebank – experience, conclusions and outlook. – 2<sup>nd</sup> International ISHS Symposium on Plant Cryopreservation, Ft. Collins/USA, 11.-14.08.2013.
- V80. KELLER, E.R.J., M. GRÜBE, A. KACZMARCZYK & H. M. SCHUMACHER (vorgetragen von KELLER, E. R. J.): Cryopreservation of potato at IPK Gatersleben – historical review and present situation. – Conference of the Society of Low Temperature Biology 2013. Innovation of Low Temperature Preservation and Biobanking, Hannover, 06.-09.10.2013.
- V81. KELLER, E.R.J.: Application of *in vitro* storage and cryopreservation for maintenance of plant germplasm and related research activities in IPK Gatersleben. – Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing/China, 05.11.2013.
- V82. KILIAN, B.: Genetic diversity and domestication of wheat. – Kansas State University, Department of Plant Pathology & Heartland Plant Industries Manhattan, Kansas/USA, 07.01.2013.
- V83. KILIAN, B.: Genetic diversity and domestication of wheat. – National Center for Genetic Resources Preservation, USDA-ARS, Fort Collins, Colorado/USA, 09.01.2013.
- V84. KILIAN, B.: Exploiting environmental adaptation in cultivated barley – using a novel divergent selection strategy. – Workshop on Pleiotropic effects of Flowering Time Genes and Impact on Adaptation and Speciation, keynote lecture "Adaptation of barley to new environments", Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 21.-23.01.2013.
- V85. KILIAN, B.: Exploiting environmental adaptation in cultivated barley – using a novel divergent selection strategy. – National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS), Plant Genome Research Unit, Tsukuba/Japan, 05.09.2013.
- V86. KILIAN, B.: Exploiting environmental adaptation in cultivated barley – using a novel divergent selection strategy. – Ohara Seminar, Institute of Plant Science and Resources (IPSR), Okayama University, Kurashiki/Japan, 18.09.2013.
- V87. KLUKAS, C.: Plant phenotyping: current status of image analysis and proposal for metadata and result trait exchange. – EPPN Workshop, Wageningen/The Netherlands, 10.06.2013.

- V88. KLUKAS, C.: Analysis and post-processing of high-throughput image data sets. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V89. KNÜPFER, H., A.A. FILATENKO, K. HAMMER, C. JEFFREY, T. KAWAHARA & L. MORRISON (vorgetragen von KNÜPFER, H.): English translation of the Russian “Flora of cultivated plants. Wheat” (Dorofeev et al. 1979) – project progress report. – 7<sup>th</sup> International Triticeae Symposium, Chengdu/China, 09.-13.06.2013.
- V90. KNÜPFER, H.: The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research in Gatersleben and its genebank. – NIAS-IPK-Seminar, National Institute of Agricultural Sciences, Tsukuba/Japan, 09.09.2013.
- V91. KNÜPFER, H.: Barley crop wild relatives diversity held at IPK and other *ex situ* collections. – Expert consultation workshop on the use of barley wild relatives for barley improvement (Global Crop Diversity Trust), Gatersleben, 05.-06.11.2013.
- V92. KOHL, S.: Relationship between sink-induced N remobilization and seed filling in barley – progress report. – DFG Research Group 948, Tübingen, 03.10.2013.
- V93. KOHL, S.: Relationship between sink-induced N remobilization and seed filling in barley – progress report. – DFG Research Group 948, Potsdam, 01.11.2013.
- V94. KUHLMANN, M.: Epigenetic mechanisms involved in drought resistance – recent and future work: RG Stress genomics. – IZN Seminar, Uni-Campus Heide-Süd, Halle/S., 30.04.2013.
- V95. KUHLMANN, M.: Epigenetic mechanisms involved in drought resistance – Recent and future work: RG Stress genomics. – IZN Annual Meeting, Halle/S., 05.07.2013.
- V96. KUHLMANN, M.: Transgenerational inheritance of RNA mediated DNA methylation in *Arabidopsis thaliana*. – GfG Workshop “Non-coding RNA in plants”, Leucorea Wittenberg, 11.07.2013.
- V97. KUHLMANN, M.: Transgenerational inheritance of RNA mediated DNA methylation in *Arabidopsis thaliana*. – GfG Annual Meeting, Braunschweig, 24.09.2013.
- V98. KUHLMANN, M.: Manipulation of ABA metabolism and signalling leads to drought tolerant barley plants. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V99. KUMLEHN, J.: Pollen embryogenesis and genome engineering in barley. – International Center of Genetic Engineering Biotechnology (ICGEB), New Delhi/India, 19.11.2013.
- V100. KUMLEHN, J., G. HENSEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & M. GURUSHIDZE (vorgetragen von KUMLEHN, J.): TALE nuclease-mediated gene targeting in barley. – EPSO Conference, Porto Heli/Greece, 01.-04.09.2013.
- V101. KUMLEHN, J., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & M. GURUSHIDZE (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Designer nuclease-mediated gene targeting in barley. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V102. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – suitable biocatalyst for new biotechnological products. – 26<sup>th</sup> International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Frankfurt/M., 29.08.-03.09.2013.
- V103. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – an imperfect dimorphic yeast. – 26<sup>th</sup> International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Satellite Symposium “*Hansenula* and *Arxula*”, Frankfurt a.M., 03.09.2013.
- V104. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – from basic research to biotechnological products. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V105. KUNZE, G.: Yeast – a valuable tool for expression of biosensor compounds and for biofuel cells. – 5<sup>th</sup> Meeting Niche DET biotechnologies for NZ manufacturing industries, Christchurch/New Zealand, 26.11.2013.
- V106. KUNZE, G.: Multiplexer Schnellnachweis von Pflanzenpathogenen mittels Immunosensoren. – 11. Dresdner Sensor-Symposium, Dresden, 09.-11.12.2013.
- V107. LERMONTOVA, I., M. KUHLMANN, S. FRIEDEL, T. RUTTEN, S. HECKMANN, M. SANDMANN, D. DEMIDOV, V. SCHUBERT & I. SCHUBERT (vorgetragen von LERMONTOVA, I.): Arabidopsis KNL2 is an upstream component for cenH3 deposition at centromeres. – 3<sup>rd</sup> European Workshop on Plant Chromatin, Madrid/Spain, 29.-30.08.2013.
- V108. LEŠKOVÁ, A.: Root architecture, auxin localisation and mineral element profiles of *Arabidopsis thaliana* plants exposed to heavy metals. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V109. LI, M., S. HIEKEL, M. MASCHER, A. HIMMELBACH, V. KORZUN, T. BÖRNER, J. KUMLEHN & N. STEIN (vorgetragen von LI, M.): Designer nuclease mediated gene knockout in barley – a TALEN approach. – Molekulare Präzisionszüchtung, Workshop der Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie, Gatersleben, 12.-13.09.2013.
- V110. LOHWASSER, U., K. BOLLMANN & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Morphologische Untersuchungen der Gaterslebener Thymian-Kollektion. – 23. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, Bernburg, 19.-20.02.2013.
- V111. LOHWASSER, U. & M. OPPERMANN (vorgetragen von LOHWASSER, U.): The German genebank in Gatersleben and its genebank information system. – Seminar, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam/Golm, 12.03.2013.
- V112. LOHWASSER, U.: The umbellifers (Apiaceae) of the German *ex situ* genebank. – 2<sup>nd</sup> Meeting of the ECPGR Working Group on Umbellifer Crops, St. Petersburg/Russia, 26.-28.06.2013.
- V113. LOHWASSER, U.: The leafy vegetables of the German *ex situ* genebank. – 2<sup>nd</sup> Meeting of the ECPGR Working Group on Leafy Vegetables, Ljubljana/Slovenia, 08.-09.10.2013.
- V114. LOHWASSER, U.: *Ex situ* conservation, quality management and research of the German genebank at IPK Gatersleben. – Ethiopian Institute of Agricultural Research (EIAR), Holetta Research Center/Ethiopia, 21.10.2013.
- V115. MASCHER, M., B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, D.J. GERHARDT, M. D’ASCENZO, T.A. RICHMOND, S. TAUDIEN, P.L. MORRELL, M. PLATZER, K.F.X. MAYER, J.A. JEDDELOH, G. MUEHLBAUER, R. WAUGH, A.



- FLAVELL & N. STEIN (vorgetragen von MASCHER, M.): APOLLO: a candidate allele linked to apomeiosis in *Boeche-  
ra*. – Plant and Animal Genome XXI. Conference, San Diego/USA, 11.-16.01.2013.
- V116. MASCHER, M., M.G. ROSSO, M. JOST, U. SCHOLZ, N. STEIN & T. ALTMANN (vorgetragen von MASCHER, M.): NuGGET: Next generation forward genetics for crop plants. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.
- V117. MASCHER, M.: Anchoring and ordering NGS contig assemblies by population sequencing (POPSEQ). – Genome Informatics Seminar, Bielefeld, 20.06.2013.
- V118. MASCHER, M.: Strategies for reduced representation resequencing of the barley genome. – Kansas State University, Manhattan/USA, 19.07.2013.
- V119. MASCHER, M.: Bioinformatical analysis of NGS data. – 1<sup>st</sup> Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 09.-12.09.2013.
- V120. MASCHER, M., G. MUEHLBAUER, D.S. ROKHSAR, J. CHAPMAN, J. SCHMUTZ, K. BARRY, M. MUNOZ-AMATRIANI, T. CLOSE, R. WISE, A.H. SCHULMAN, A. HIMMELBACH, K.F.X. MAYER, U. SCHOLZ, J. POLAND, N. STEIN & R. WAUGH (vorgetragen von MASCHER, M.): Anchoring and ordering NGS contig assemblies by population sequencing (POPSEQ). – Genome Informatics, Cold Spring Harbor/USA, 30.10.-02.11.2013.
- V121. MATROS, A., J.C. REIF, Y. ZHAO & H.-P. MOCK (vorgetragen von MATROS, A.): Hybrid performance prediction in winter wheat based on genomic and metabolomic data: metabolite profiling. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V122. MELZER, M.: It's a small small world: methods and applications of a microscopy core facility in plant research. – Umea Plant Science Center, Umeå/Sweden, 04.06.2013.
- V123. MELZER, M.: Methoden zur Probenpräparation für histologische und elektronenmikroskopische Analysen. – IPK, Gatersleben, 31.07.2013.
- V124. MELZER, M., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, T. RUTTEN & P. PANDEY (vorgetragen von MELZER, M.): To be or not to be: epigenetic modifications in pollen development and embryogenesis. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V125. MELZER, M.: Histological and ultrastructural analysis of plant tissue using light, scanning and transmission electron microscopy. – IPK Graduate School, IPK, Gatersleben, 18.11.2013.
- V126. METTE, F.M., C.H. TEO, E. KAPUSI, L. MA, G. HENSEL, A. HIMMELBACH, J. KUMLEHN, I. SCHUBERT, A. HOUBEN & I. LERMONTOVA (vorgetragen von METTE, F.M.): Approach to precision-engineering of plant minichromosomes. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 30.09.-04.10.2013.
- V127. MOCK, H.-P.: Aufklärung räumlicher und zeitlicher Muster von Metaboliten während der Samenentwicklung von Gerste. – Christian-Albrecht-Universität zu Kiel, Kiel, 21.01.2013.
- V128. MOCK, H.-P.: MALDI-Imaging: Aufklärung räumlicher und zeitlicher Muster von Metaboliten während der Samenentwicklung von Gerste. – Anwendertreffen der Fa. Bruker, Potsdam, 26.02.2013.
- V129. MOCK, H.-P.: Control of phenylpropanoid metabolism during plant stress defence responses. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V130. MOCK, H.-P.: Spatial and temporal patterns of metabolites during barley grain development: mass spectrometry based imaging. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V131. MOCK, H.-P.: Proteomics und Proteinanalytik. – Symposium "Nachhaltige Proteinversorgung und gesundheitliche Wirkung" des Leibniz-Forschungsverbund „Nachhaltige Lebensmittelproduktion und gesunde Ernährung“, Potsdam, 06.12.2013.
- V132. MUSZYŃSKA, A., A. BÖRNER, G. MELZ, M. RÖDER, T. RUTTEN, K. HOFFIE, M. BENECKE & M. MELZER (vorgetragen von MUSZYŃSKA, A.): Histological characterization of 'Stabilstroh', a new genotype of rye (*Secale cereale* L.). – Dieckmann Seeds, Einbeck, 12.02.2013.
- V133. MUSZYŃSKA, A.: Histological and ultrastructural analysis of "Stabilstroh", a new genotype of rye (*Secale cereale* L.). – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V134. NAGEL, M.: Genebanks – maintenance of plant genetic resources for future breeding. – 1<sup>st</sup> Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 09.-12.09.2013.
- V135. NAGEL, M., S.P.C. GROOT, J. KODDE & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Genetics of seed longevity – comparisons between dry storage, controlled seed deterioration and elevated partial pressure of oxygen (EPP) using Oregon Wolfe Barley mapping population. – 4<sup>th</sup> Workshop on the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination, Paris/France, 09.-12.07.2013.
- V136. NAGEL, M., S. NAVAKODE, M. BAUM, M. NACHIT, M.S. RÖDER & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Genetic analyse of osmotic stress at the seedling stage and its connection to drought conditions in the field. – International Symposium "Genetics and Breeding of Durum Wheat", Rome/Italy, 27.-30.05.2013.
- V137. NAGEL, M., V. SCHEIBAL, F. MARTHE, P. GEPTS & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Molecular mapping and physiology of seed longevity in relation to seed coat colour of common bean. – 30<sup>th</sup> ISTA Congress – Seed Symposium, Antalya/Turkey, 12.-18.06.2013.
- V138. OPPERMANN, M.: An Overview of the IPK Genebank Information System. – Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Postdam, 12.03.2013.
- V139. PANDEY, P., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, M. MELZER & T. RUTTEN (vorgetragen von PANDEY, P.): Chromatin alterations during pollen development in *Hordeum vulgare*. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V140. PANDEY, P., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, M. MELZER & T. RUTTEN (vorgetragen von PANDEY, P.): Chromatin alterations during pollen development and pollen embryogenesis in *Hordeum vulgare*. – SEB Valencia 2013 (Annual Main Meeting of the Society of Experimental Biology), Valencia/Spain, 03.-06.07.2013.

- V141. PEUKERT, M., A. MATROS & H.-P. MOCK (vorgetragen von PEUKERT, M.): Integration of MALDI MSI to plant physiological questions – metabolite distributions during grain development in barley. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V142. RAJARAMAN, J.: Role of a partial gene duplicate of a U box/ARM-repeat protein in barley powdery mildew interactions. – DPG Host-Parasite Interaction symposium, Göttingen, 21.03.2013.
- V143. RAJARAMAN, J., D. DOUCHKOV & P. SCHWEIZER (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): A proposed decoy for a susceptibility factor in the barley-*Bgh* interaction. – 3<sup>rd</sup> International Powdery Mildew Workshop, Copenhagen/Denmark, 29.08.2013.
- V144. RAUTER, M.: Synthesis of enantiomerically pure alcohols by ADH from *Rhodococcus ruber* expressed in *A. adenivorans*. – 26<sup>th</sup> International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Satellite Symposium "Hansenula and Arxula", Frankfurt a.M., 03.09.2013.
- V145. REIF, J.C.: Genomic selection with special emphasize on hybrid prediction. – Syngenta, London/England, 30.04.2013.
- V146. REIF, J.C.: Genomic selection in plant breeding. – Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing/China, 04.09.2013.
- V147. REIF, J.C.: Genomic selection in plant breeding. – China Agricultural University, Beijing/China, 06.09.2013.
- V148. REIF, J.C. & F. LONGIN (vorgetragen von REIF, J.C.): Improving stress resistance switching from line to hybrid breeding. – 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium (IWGS), Yokohama/Japan, 08.-14.09.2013.
- V149. RICHTER, J., C. VOLKMAR, U. LOHWASSER & A. BÖRNER (vorgetragen von RICHTER, J.): Zum Auftreten der Fritfliege (*Oscinella frit*) in einem Sommerweizensortiment am Standort Gatersleben 2013. – Gemeinsames Treffen der Arbeitskreise „Populationsdynamik und Epidemiologie“ (DPG), „Epigäische Raubarthropoden“ (DGaaE) und „Agrarökologie“ (GfÖ), Halle/S., 26.09.2013.
- V150. RÖDER, M.S.: Association mapping in European winter wheat. – Plant Genetics 2013: Plant Genetics and Breeding Technologies, Vienna/Austria, 18.-20.02.2013.
- V151. ROLLETSCHEK, H. & L. BORISJUK (vorgetragen von ROLLETSCHEK, H.): Seed architecture shapes embryo metabolism in oilseed rape. – 6<sup>th</sup> European Symposium on Plant Lipids, Bordeaux/France, 07.-10.07.2013.
- V152. ROLLETSCHEK, H. & L. BORISJUK (vorgetragen von ROLLETSCHEK, H.): Seed architecture shapes embryo metabolism in oilseed rape. – Botanikertagung 2013, Tübingen, 29.09.-04.10.2013.
- V153. RUTTEN, T.: Introduction to Confocal Microscopy in plants. – IPK Graduate School, IPK, Gatersleben, 23.05.2013.
- V154. SCHIMMEL, J., U. LOHWASSER, A. BÖRNER & J. DEGENHARDT (vorgetragen von SCHIMMEL, J.): Phytochemische Untersuchungen der Gaterslebener Thymian-Kollektion. – 23. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzen, Bernburg, 19.-20.02.2013.
- V155. SCHMID, N., R.F.H. GIEHL, S. DÖLL, H.P. MOCK, X. KONG, R. HIDER & N. VON WIRÉN (vorgetragen von SCHMID, N.): Identification of a new component in Fe acquisition in *Arabidopsis thaliana*. – 26. Tagung "Molekularbiologie der Pflanzen", Dabringhausen, 26.02.-01.03.2013.
- V156. SCHMID, N., R.F.H. GIEHL, S. DÖLL, H.P. MOCK, X. KONG, R. HIDER & N. VON WIRÉN (vorgetragen von SCHMID, N.): Identification of a new component in Fe acquisition in *Arabidopsis thaliana*. (Talk Award) – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V157. SCHMID, N., R.F.H. GIEHL, S. DÖLL, H.P. MOCK, X. KONG, R. HIDER & N. VON WIRÉN (vorgetragen von SCHMID, N.): Identification of a new component in Fe acquisition in *Arabidopsis thaliana*. – 17<sup>th</sup> International Plant Nutrition Colloquium (IPNC) "Plant nutrition for nutrient and food security", Istanbul/Turkey, 19.-22.08.2013.
- V158. SCHMIDT, R.: Screening of an oilseed rape BAC library using highly parallel SNP assays. – Sino-German Workshop on Genetics and Biotechnology of Rapeseed, Hangzhou/China, 04.-06.04.2013.
- V159. SCHMUTZER, T., E. BAUER & U. SCHOLZ (vorgetragen von SCHMUTZER, T.): The pace of unlocking the rye (*Secale cereale* L.) genome. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V160. SCHOLZ, U.: Barley genomic resources – status, applications and improvements. – Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, 07.11.2013.
- V161. SCHREIBER, F.: A computational framework for modelling metabolism and some applications. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V162. SCHREIBER, F.: Visualisation of biological data. – Technische Universität, Dresden, 01.02.2013.
- V163. SCHREIBER, F.: Visualisation and visual analytics of metabolic processes. – Workshop FG „Visual Computing in Biology and Medicine“, Heidelberg, 06.03.2013.
- V164. SCHREIBER, F.: The flexible identifier mapping service. – International Symposium on Integrative Bioinformatics 2013, 9<sup>th</sup> Annual Meeting, IPK, Gatersleben, 18.-20.03.2013.
- V165. SCHREIBER, F.: Vanted and MetaCrop for computational systems biology and plant metabolic modelling. – EMBL-EBI, Hinxton/UK, 16.04.2013.
- V166. SCHREIBER, F.: SBGN AF development. – SBGN-9 Meeting (Systems Biology Graphical Notation), Edinburgh/Scotland, 29.04.-02.05.2013.
- V167. SCHREIBER, F.: Eine Bioinformatik-Umgebung für Stoffwechselmodellierung und Datenanalyse. – Lange Nacht der Wissenschaft, Halle/S., 05.07.2013.
- V168. SCHREIBER, F.: SBGN Update. – COMBINE 2013 (Computational Modeling in Biology Network), Paris/France, 16.-20.09.2013.
- V169. SCHREIBER, F.: Modelling and visualising biological systems. – BioInfoSummer 2013, Adelaide/Australia, 02.-06.12.2013.

- V170. SCHUBERT, I.: Karyotype evolution – principles and pitfalls. – Triticeae Cytogenetics: Past, Present, and Future, a satellite meeting of the 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, Kyoto University/Japan, 15.-16.09.2013.
- V171. SCHUBERT, I.: Centromere establishing and maintenance via CENH3. – Kolloquium, Czech Acad. Sci., Olomouc/Czech Republic, 30.09.2013.
- V172. SCHWEIZER, P., J. KUMLEHN, H.B. DEISING, D. STAHL, B. PELISSIER, J.-E. CHAUVIN, F. PANABIERES & A. DE PIETRO (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): dsRNAGuard – host-induced gene silencing by RNAi in fungal and oomycete pathogens for healthier and safer food. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.
- V173. SHARBEL, T.F.: The dynamics of asexual genome evolution and candidate apomixis factors in the genus *Boechnera* (Brassicaceae). – Wageningen University, Wageningen/The Netherlands, 20.02.2013.
- V174. SHARBEL, T.F.: Sex and agriculture. – University of Galway, Galway/Ireland, 27.02.2013.
- V175. SHARBEL, T.F.: Sex and agriculture. – Friedrich-Schiller-Universität, Jena, 24.04.2013.
- V176. SHARBEL, T.F.: Sex and agriculture. – EAWAG, Swiss Federal Institute of Aquatic Science and Technology, Zurich/Switzerland, 24.10.2013.
- V177. STEIN, N.: Barley as a model system for drought stress research: prospects by facilitated access to the genome sequence. – Mini-Symposium „Future of drought stress research“, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Bonn, 12.04.2013.
- V178. STEIN, N.: Barley genome sequenced? – Institutsseminar, Australian Centre for Plant Functional Genomics, Adelaide/Australia, 03.09.2013.
- V179. STEIN, N.: Barley genome sequenced? – Institutsseminar, Murdoch University, Perth/Australia, 13.09.2013.
- V180. STEIN, N.: Barley genome sequenced? – Institutsseminar, CSIRO-Plant Industry, Canberra/Australia, 16.09.2013.
- V181. STEIN, N.: The 5 Gbp barley genome – everything changes with access to genome sequence. – Seminar, Universität Potsdam, Institut für Biochemie und Biologie, Postdam, 18.11.2013.
- V182. STEIN, N.: 20 years of genome analysis in cereals – from RFLP markers to genomics-based breeding. – 26<sup>th</sup> Colloquium on Biology and Technology of Reproduction in Crop Plants, Stuttgart-Hohenheim, 28.11.2013.
- V183. THORMANN, I.: Assessment of genetic diversity changes over a 30 years period in barley landraces and its wild relatives. – Oberseminar Pflanzenzüchtung, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 30.04.2013.
- V184. TRAN, T.D.: Cytological characterization of two *Genlisea* species with eighteen-fold genome size difference. – 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC 2013), IPB, Halle/S., 28.-31.05.2013.
- V185. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Bonn, 28.02.2013.
- V186. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena, 07.03.2013.
- V187. VON WIRÉN, N.: Chancen und Risiken der grünen Gentechnik. – Mittelstandsvereinigung Sachsen-Anhalt, Biotechpark Gatersleben, 10.04.2013.
- V188. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – International Workshop on Environmental Changes and Conservation of Plant Diversity, Baku/Aserbaidsschan, 20.04.2013.
- V189. VON WIRÉN, N.: Physico-chemical properties and physiological functions of root exudates in iron acquisition by plant roots. – University of Vienna, Vienna/Austria, 29.04.2013.
- V190. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Austrian Institute of Technology, Vienna/Austria, 30.04.2013.
- V191. VON WIRÉN, N.: Chancen und Risiken der grünen Gentechnik. – Kulturveranstaltungen im Oberhof, Ballenstedt, 05.05.2013.
- V192. VON WIRÉN, N.: Morphological changes of roots under changing nutrient availabilities. – Chinese Academy of Sciences, Beijing/China, 17.05.2013.
- V193. VON WIRÉN, N.: Morphological changes of roots under changing nutrient availabilities. – Zhejiang University, Hangzhou/China, 17.05.2013.
- V194. VON WIRÉN, N.: Morphological changes of roots under changing nutrient availabilities. – Chinese Academy of Sciences, Beijing/China, 21.05.2013.
- V195. VON WIRÉN, N.: The impact of nutrient availability on root system architecture. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V196. VON WIRÉN, N.: Morphological responses of roots to changing nutrient availabilities. – Albert-Ludwigs-Universität, Freiburg, 07.10.2013.
- V197. WEBER, H.: Increased grain yield and microelement contents in transgenic winter wheat by ectopic expression of a barley sucrose transporter. – Institutstag IPK, Gatersleben, 25.-27.09.2013.
- V198. WEBER, H.: Indikatoren für die Optimierung des Kornproteingehalts in Winterweizen. – Symposium des Leibniz-Forschungsverbands „Nachhaltige Lebensmittelproduktion und gesunde Ernährung“, Berlin, 06.12.2013.
- V199. WEICHERT, N., V. HAUPTMANN, M. MENZEL, T. HERTEL, U. SPOHN & U. CONRAD (vorgetragen von WEICHERT, N.): How to characterize high repetitive plant produced spider silk proteins? – COST Action FA0804 Molecular Farming Workshop, Rostock, 06.-08.02.2013.
- V200. WESCHKE, W.: Ansätze zur Erzeugung neuer Weizensorten. – Eurofins Getreideseminar, Hamburg, 09.04.2013.
- V201. WESCHKE, W.: Möglichkeiten und Risiken der grünen Gentechnik. – Besuch des Landesverwaltungsamts Halle, Gatersleben, 19.06.2013.
- V202. WESCHKE, W.: Höherer Ertrag bei Weizenkörnern durch gentechnische Veränderungen. – Exkursion der Universität Rostock, Gatersleben, 24.06.2013.

- V203. YANG, P., T. LÜPKEN, A. HABEKUSS, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, F. ORDON & N. STEIN (vorgetragen von YANG, P.): Isolation, distribution and origin of *rym11* conferring broad-spectrum resistances to the bymovirus disease. – PLANT 2030 Status Seminar 2013, Potsdam, 06.-08.03.2013.
- V204. YANG, P., T. LÜPKEN, A. HABEKUSS, B. KILIAN, G. HENSEL, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, F. ORDON & N. STEIN (vorgetragen von YANG, P.): Unlocking barley genetic resources for isolation, distribution and origin of *rym11* conferring broad-spectrum resistance to the bymovirus disease. – 7<sup>th</sup> International Triticeae Symposium, Chengdu/China, 09.-13.06.2013.
- V205. YANG, P., T. LÜPKEN, A. HABEKUSS, B. KILIAN, G. HENSEL, J. KUMLEHN, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, F. ORDON & N. STEIN (vorgetragen von YANG, P.): Isolation, distribution and origin of *rym11* conferring broad-spectrum resistance to the bymovirus disease. – AAB Conference International Advances in Plant Virology 2013, University of East Anglia, Norwich/UK, 25.-27.09.2013.

## Vom Institut organisierte Tagungen und Veranstaltungen/ Conferences and Meetings Organised by IPK

### 2012

#### 11<sup>th</sup> Gatersleben Research Conference "Chromosome Biology, Genome Evolution and Speciation"

23. bis 25. April 2012, Gatersleben  
ca. 140 Teilnehmer

#### Sommertagung der GFP, Abteilung Futterpflanzen

24. bis 25. April 2012, Malchow/Poel  
35 Teilnehmer

#### Tag der offenen Tür in der Genbank Teilsammlungen Nord „1992 bis 2012 – 20 Jahre Genbank Malchow“

12. Mai 2012, Malchow/Poel  
ca. 300 Teilnehmer

#### Initiative „Offener Brief“ (Postdoc Board)

Diskussionsveranstaltung zur Situation von Wissenschaftler/-innen in Deutschland  
29. Mai 2012, Gatersleben  
45 Teilnehmer

#### 8<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC)

4. bis 7. Juni 2012, Gatersleben  
86 Teilnehmer

#### Tag der offenen Tür und 6. Fest der Begegnung

9. Juni 2012, Gatersleben  
ca. 500 Teilnehmer

### Institutstag 2012

Vortragsveranstaltung, Posterpräsentation aller wissenschaftlichen Arbeitsgruppen  
24. bis 25. September 2012, Gatersleben  
ca. 200 Teilnehmer

### Weizen-Symposium

Veranstaltung zur Bestandsaufnahme der Forschungsaktivitäten bei der wichtigsten europäischen Nutzpflanze und Feststellung des weiteren Forschungsbedarfs am Standort Gatersleben und in Sachsen-Anhalt  
29. Oktober 2012, Gatersleben  
ca. 90 Teilnehmer

### 2013

#### Meeting Executive Board "Generation Challenge Programme"

11. bis 13. März 2013, Gatersleben  
20 Teilnehmer

#### 9. Internationales Symposium Integrative Bioinformatics – IB 2013

18. bis 20. März 2013, Gatersleben  
60 Teilnehmer



**Abb. 48**  
Teilnehmer an der BARLOMICS  
Summer School 2013 (Foto:  
H. Ernst, IPK Gatersleben).

**Fig. 48**  
Participants of the BARLOMICS  
Summer School 2013 (Photo:  
H. Ernst, IPK Gatersleben).

**70-jähriges Jubiläum der Gründung des Institutes Gatersleben**

12. April 2013, Gatersleben

452 Teilnehmer

**1. PhD students Annual Meeting**

14. Mai 2013, Gatersleben

50 Teilnehmer

**Tag der offenen Tür**

8. Juni 2013, Gatersleben

ca. 300 Teilnehmer

**Deutsches Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk (DPPN)-Verbundtreffen**

1. bis 2. Juli 2013, Gatersleben

47 Teilnehmer

**BARLOMICS Summer School**

9. bis 12. September 2013, Gatersleben

28 Teilnehmer

**Workshop der Gesellschaft für**

**Pflanzenbiotechnologie e. V.**

**Molekulare Präzisionszüchtung – Neue Horizonte und Anwendungen**

12. bis 13. September 2013, Gatersleben

85 Teilnehmer

**Institutstag 2013**

Vortragsveranstaltung, Posterpräsentation aller wissenschaftlichen Arbeitsgruppen

25. bis 27. September 2013, Gatersleben

ca. 200 Teilnehmer

**Experten-Workshop**

**Möglichkeiten der Nutzung und gezielten Erforschung weltweit verfügbarer Gersten**

5. bis 7. November 2013, Gatersleben

22 Teilnehmer

## Beteiligung an der Organisation externer Veranstaltungen/ Participation in Organising External Meetings

Thema	Zeitpunkt der Veranstaltung Ort Land	Veranstalter/Mitorganisatoren (beteiligte Einrichtungen)	Art der Veranstaltung (national/ international)	Anzahl Teilnehmer
<b>2012</b>				
8 <sup>th</sup> International Symposium on Integrative Bioinformatics	02.-04.04.2012 Hangzhou China	Zhejiang University Prof. Dr. F. Schreiber Dr. M. Lange (Mitglieder des Organisationskomitees) Dr. U. Scholz (Programm-Komitee)	international	ca. 50
Tagung „Saatguterhaltung und Nutzbarmachung von Kulturpflanzen und heimischen Wildarten“	08.-09.05.2012 Osnabrück	Ag Saatgut- und Sortenwesen der GPW und GPZ Priv.-Doz. Dr. A. Börner Dr. U. Lohwasser (Mitglieder des Organisationskomitees)	national	ca. 80
19 <sup>th</sup> General Congress “Plant Breeding for Future Generations”	21.-24.05.2012 Budapest Hungary	EUCARPIA Priv.-Doz. Dr. A. Börner (Mitglied des Organisationskomitees)	international	ca. 360
5 <sup>th</sup> International Symposium Breeding Research on Medicinal and Aromatic Plants – BREEDMAP 2012	18.-20.06.2012 Vienna Austria	Phytochem. Society of Europe (PSE) Dr. U. Lohwasser (Mitglied im wissenschaftl. Komitee)	international	ca. 100
International German-Russian Workshop on Integrative Biological Pathway Analysis and Simulation and Related Summer School	18.-21.06.2012 Bielefeld	Federal Ministry of Education and Research; Universität Bielefeld Prof. Dr. F. Schreiber (Mitglied des Organisationskomitees)	international	ca. 30
Joint 22 <sup>nd</sup> ITMI Summer Workshop	25.-29.06.2012 Fargo, North Dakota USA	International Triticeae Mapping Initiative Dr. N. Stein (Session organizer and chair)	international	ca. 200
2 <sup>nd</sup> International Conference Phylogenetic Wealth and Agricultural Heritage of the Aegean Islands	06.-07.07.2012 Santorini Island Greece	Heliotopos Conferences; Association Cooperatives of Theriac Products Dr. H. Knüpfper (Mitglied des Advisory Board)	international	ca. 80
3 <sup>rd</sup> MC & WGs Meeting Everything you want to know about plant sex but were afraid to ask	09.-11.07.2012 Porto Portugal	COST, Harnessing Plant Reproduction for Crop Improvement (HAPRECI) Dr. T. Sharbel (Mitorganisator)	international	ca. 100
13 <sup>th</sup> Cereal Rust and Powdery Mildew Conference	28.08.-01.09.2012 Beijing China	Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS) Dr. habil. P. Schweizer (Mitorganisator)	international	ca. 100
10. Arbeitstagung der Ag Genomanalyse der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ)	18.-20.09.2012 Halle/S.	Martin-Luther-Universität Halle/S. Prof. Dr. A. Graner (Mitorganisator)	international	ca. 150
BarleyGenomeNet Meeting	5.-6.12.2012 Köln	Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung Dr. P. Schweizer (Mitorganisator)	international	ca. 30

2013				
Genetics and Breeding of Durum Wheat	27.-30.05.2013 Rom Italy	Italian National Academy of Sciences Priv.-Doz. Dr. A. Börner (Mitglied im Organisationskomitees)	international	ca. 250
2 <sup>nd</sup> ISHS International Symposium on Plant Cryopreservation	11.-14.08.2013 Fort Collins Colorado, USA	National Center for Genetic Resources Preservation USDA-ARS/ISHS Dr. J. Keller (Mitglied des Organisationskomitees)	international	ca. 90
26 <sup>th</sup> International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology	29.08.-03.09.2013 Frankfurt a.M.	J.-W. Goethe-Universität Frankfurt a.M. Prof. Dr. G. Kunze (Mitglied im Organisationskomitee)	international	ca. 500
26 <sup>th</sup> International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology – Satellite Symposium "Hansenula and Arxula"	03.09.2013 Frankfurt a.M.	J.-W. Goethe-Universität Frankfurt a.M. Prof. Dr. G. Kunze (Mitglied im Organisationskomitee)	international	ca. 50
Computational Modeling in Biology Network (COMBINE 2013)	16.-20.09.2013 Paris France	Institut Curie, Paris Prof. Dr. F. Schreiber (Mitorganisator)	international	ca. 90
BarleyGenomeNet Meeting	11.-12.12.2013 Kopenhagen Denmark	Dr. P. Schweizer (Mitorganisator)	international	ca. 25



## Ehrungen, Preise/Honours, Awards

### 2012

**Dr. Klaus Pistrick** erhielt die Khublai-Khan-Goldmedaille der Mongolischen Akademie der Wissenschaften für Beiträge zur Erforschung pflanzengenetischer Ressourcen der Gattung *Allium* L. und der Flora der östlichen Mongolei. Die Verleihung erfolgte am 28. März 2012 auf dem Internationalen Symposium „Biodiversity Research in Mongolia – 50 years of Mongolian-German Biological Expeditions: an Anniversary (1962-2012)“ an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

Auf der 13. Tagung der AG Saatgut und Sortenwesen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (GPW) und der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) wurde erstmals ein Preis für das beste Poster inklusive Kurzpräsentation vergeben. Preisträgerin vom IPK war **Dr. Ljudmilla Borisjuk**, die vom 8. bis 9. Mai 2012 an der Tagung in Osnabrück teilnahm.

Im Planetarium in Halle/S., in dem man sonst nach Sternen Ausschau hält, bekam am 21. Juni 2012 **Nada Raddaoui** den Sonderpreis „Life Sciences“ im Ideenwettbewerb Scidea 2012 vom Hochschulgründernetzwerk Sachsen-Anhalt Süd. Gemeinsam mit **Dr. Andreas Houben** und **Dr. Lu Ma** entwickelte sie am IPK die sogenannte Click-FISH-Methode, um pflanzliche DNA mit fluoreszierenden Markern nachweisen zu können.

Auf der 10<sup>th</sup> International PhD Student Conference on Experimental Plant Biology, die vom 3. bis 5. September 2012 in Brno durchgeführt wurde, erhielt **Trung Tran Duc**, der in der Arbeitsgruppe Karyotypevolution tätig war, den 1. Posterpreis.

Am 25. September 2012 erhielt **Dr. Mian Abdur Rehman Arif** den Beagle Award. Der Preis wird jährlich an Doktoranden des IPK verliehen, die sich durch herausragende wissenschaftliche Leistung und soziales Engagement während des Promotionsstudiums auszeichnen. Dr. Rehman Arif hatte seine Doktorarbeit zum Thema „Seed longevity and dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.) – phenotypic variation and genetic mapping“ erfolgreich verteidigt. Sein Betreuer war Priv.-Doz. Dr. Andreas Börner.

**Daniel Arend** ist Preisträger des Förderpreises der CANTOR Unternehmensberatung GmbH 2012 für die beste Diplomarbeit zum Thema: Konzeption und Implementierung einer Datenhaltungsinfrastruktur zur digitalen Langzeitarchivierung und dauerhaften Zitierbarkeit biologischer Primärdaten am Beispiel von „Next-Generation-Sequencing“-Daten. Sie wurde an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg angefertigt und von Prof. Dr. F. Schreiber und Dr. M. Lange (IPK Gatersleben) betreut.

### 2013

Bei der 9<sup>th</sup> Plant Science Student Conference (PSSC), die vom 28. bis 31. Mai 2013 im Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie (IPB) Halle/S. stattfand, wurden durch eine Jury die besten Vorträge und Poster prämiert. Folgende Doktoranden des IPK Gatersleben waren dabei:

**Nicole Schmid** wurde mit ihrer Präsentation über die Beteiligung von Scopoletin und dessen Derivaten an der Eisenhomöostase in *Arabidopsis thaliana* für den besten Vortrag ausgezeichnet.

**Sindy Schedel** gewann den Preis für das beste Poster und **Pooja Pandey** erhielt den dritten Preis in der Kategorie der besten Vorträge.

#### Jury Award – Best Talk

2. Platz: **Christian Colmsee**, IPK, Abt. Cytogenetik und Genomanalyse, Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie.

Am 16. Juli 2013 errang **Dr. Jemanesh Kifetew Haile** im 3. Afrika-weiten Wettbewerb junger Wissenschaftler den 1. Platz. Die Preisverleihung wurde im Rahmen der 6<sup>th</sup> Africa Agriculture Science Week in Accra, Ghana, vorgenommen. Sie arbeitete von 2009 bis 2013 in der Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung unter der Anleitung von Dr. Marion Röder an ihrer Promotion über Resistenzgene gegen äthiopischen Schwarzrost in Weizen.



**Abb. 49**  
Auszeichnung für Dr. Jemanesh Kifetew Haile, Äthiopien (Foto: privat).  
**Fig. 49**  
Award Winner Dr. Jemanesh Kifetew Haile, Äthiopien (Photo: privat).

ISTA Seed Symposium Award 2013 für **Priv.-Doz. Dr. A. Börner**. For excellence in the presentation of the paper: 'Genetic dissection of seed longevity and dormancy by applying new molecular marker technologies'.

Am 26. September 2013 wurde als offizieller Abschluss des Institutstages der „Beagle Award“ verliehen. Die Preisträger waren **Dr. Martin Mau, Maja Jankowska, Nicole Schmid** und **Dr. Stefan Heckmann**.



**Abb. 50**

Die Verleihung des „Beagle Awards“ als offizieller Abschluss des Institutstages 2013: Dr. Martin Mau, Maja Jankowska, Nicole Schmid, Prof. Dr. Andreas Graner (v.l.n.r.); auf dem Foto im Hintergrund: Dr. Stefan Heckmann (Foto: R. Schnee, IPK Gatersleben).

**Fig. 50**

The "Beagle Award" ceremony as official closure of the Institute Day 2013: Dr. Martin Mau, Maja Jankowska, Nicole Schmid, Prof. Dr. Andreas Graner (LTR); in the background: Dr. Stefan Heckmann (Photo: R. Schnee, IPK Gatersleben).

## Arbeitsaufenthalte von Gästen im IPK/Guest Researchers at IPK

(ab einer Woche, ohne Schüler, Praktikanten, Studenten)

### Abteilung Genbank

**Christiane Nöh**, Julius Kühn-Institut, Sanitz, Deutschland, 30.07.2012 bis 17.08.2012, 01.01.2013 bis 01.03.2013 und 02.07.2013 bis 17.08.2013, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Raj Kishore Pasam**, 01.07.2012 bis 31.08.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Gabriel Lidzbarsky**, University of Haifa, Institute of Evolution, Haifa, Israel, 01.10.2012 bis 31.10.2012, Finanzierung durch EMBO Short-term Scholarship (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Dr. Jens Keilwagen**, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, Deutschland, 01.10.12 bis 30.09.13, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein, Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Dr. Ekatarina Badaeva**, Engelhardt Institutes of Molecular Biology, Russian Academy of Science, Moskau, Russland, 23.08.2012 bis 03.10.2012, Finanzierung durch BLE-Projekt (Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Fatemeh Nasernakhaei**, University of Isfahan, Department of Biology, Faculty of Science, Isfahan, Iran, 24.05.2012 bis 30.11.2013, Finanzierung durch Scholarship of Iranian Government (Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Marzena Kurowska**, University of Katowice, Department of Genetics, Faculty of Biology and Environmental Protection, Katowice, Polen, 01.01.2012 bis 31.01.2012, Finanzierung durch IAEA-Fellowship (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Mingjiu Li**, Humboldt-Universität Berlin, Berlin, Deutschland, 01.01.2012 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung/China Scholarship Council – CSC (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Dr. Adel Hasan Abdel-Ghani**, Mu`tah University, Faculty of Agriculture, Karak, Jordanien, 08.06.2012 bis 05.09.2012 und 07.06.2013 bis 05.09.2013, Finanzierung durch DFG Scholarship (Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Simeon Hengari**, Cape Institute for Agricultural Training, Elsenburg, Südafrika, 27.09.2012 bis 31.12.2014, Finanzierung durch Stipendium der Alexander von Humboldt Foundation/ Eigenfinanzierung (Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Esra Cakir**, University of Çukurova, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops, Adana, Türkei, 28.07.2013 bis 27.08.2013, Finanzierung durch Alexander-von-Humboldt-Stiftung (Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Dr. Anna Filatenko**, DDT „By Voznesensky Bridge“, Department of Biology, St. Petersburg, Russland, 22.03.2013 bis 12.04.2013, Finanzierung durch IPK und Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V. (Dr. H. Knüpper/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation; Dr. B. Kilian/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Isabela Matyszcak**, Carlsberg Laboratory, Copenhagen, Dänemark, 01.03.2013 bis 17.03.2013 und 13.08.2013 bis 13.09.2013, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Prof. Dr. Karl Hammer**, 15.04.2013 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung/IPK (Prof. Dr. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

**Khouloud Kywan**, Universität Kassel, Kassel, Deutschland, 08.10.2012 bis 30.06.2014, Eigenfinanzierung (Dr. H. Knüpper/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation).

**Tina Seidensticker**, 01.09.2012 bis 28.02.2013, 12.06.2013 bis 31.08.2013 und 01.12.13 bis 31.05.2014, Eigenfinanzierung (Dr. T. Schnurbusch/Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne).

**Zifeng Guo**, Chinese Academy of Sciences, Center for Agricultural Resources Research, Institute of Genetics and Developmental Biology, Beijing, China, 01.10.2012 bis 30.09.2016, Finanzierung durch China Scholarship Council – CSC (Dr. T. Schnurbusch/Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne).

**Piotr Gawroński**, 01.01.2013 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Dr. T. Schnurbusch/Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne).

**Dr. Natalia Tikhenko**, St. Petersburg State University, Biological Research Institute, St. Petersburg, Russland, 04.03.2012 bis 03.05.2012, Eigenfinanzierung und 29.01.2013 bis 29.03.2013, Finanzierung durch BMBF-BLE Scholarship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion; Dr. A. Senula/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

**Dr. Daniel Isaak Oludayo**, University of Agriculture, Department of Plant Breeding and Seed Technology, Abeokuta, Nigeria, 03.08.2012 bis 14.09.2012, Eigenfinanzierung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Dr. Manuela Nagel**, 01.01.2012 bis 31.03.2012 und 01.08.2012 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Mian Abdur Rehman Arif**, University of Arid Agriculture, Rawalpindi, Pakistan 01.01.2012 bis 01.05.2012, Finanzierung

durch DAAD (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Vitaliy Shpylchyn**, National University of „Kyiv-Mohyla Academy“, Kiew, Ukraine, 01.01.2012 bis 28.03.2012, Finanzierung durch Stipendium Ukrainian Government (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Mai Allam**, National Research Center (NRC), Plant Biotechnology Department, Cairo, Ägypten, 01.01.2012 bis 30.10.2014, Finanzierung durch DAAD Scholarship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Allah Bakhsh**, Agricultural Research Council (PARC), Islamabad, Pakistan, 01.09.2012 bis 31.10.2015, Finanzierung durch DAAD Scholarship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Ahmad Edwan**, National Center of Agricultural Research and Extension (NCARE), Al-Baqah, Jordanien, 17.06.2013 bis 06.12.2013, Finanzierung durch Bioversity International (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Asnakech Senbeta Bedanie**, Institute of Biodiversity Conservation (IBC), Addis Abeba, Äthiopien, 07.05.2013 bis 01.11.2013, Finanzierung durch Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit - GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Benjamin Gbolo Zoawe**, University of Kinshasa, Demokratische Republik Kongo, 04.02.2013 bis 31.05.2013, Finanzierung durch Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit - GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Chris Richards**, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service (USDA-ARS), Fort Collins, USA, 26.05.2013 bis 01.06.2013, Eigenfinanzierung (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Hagos Gidey Tsegay**, Institute of Biodiversity Conservation (IBC), Addis Abeba, Äthiopien, 07.05.2013 bis 01.11.2013, Finanzierung durch Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit – GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Imke Thormann**, Conservation and Availability Programme, Bioversity, International, Rom, Italien, 20.05.2013 bis 01.06.2013 und 29.06.2013 bis 06.07.2013, Eigenfinanzierung (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

**Dr. Vinod Kumar**, Central Potato Research Institute (Indian Council of Agricultural Research), Shimla, Indien, 09.01.2012 bis 07.04.2012, Finanzierung durch NAIP (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

**Dr. Karthikeyan Subbarayan**, Vels University, Department of Biotechnology, Pallavaram, Indien, 01.01.2012 bis 31.03.2013, Finanzierung durch Leibniz-DAAD-Programm, (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

**Kamatchi Ulagappan**, Vels University, Department of Biotechnology, Chennai, Indien, 21.05.2013 bis 20.10.2013, Eigenfinanzierung (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

**Lydia Gerson**, 01.10.2012 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Dr. K. Dehmer/Teilsammlungen Nord, Groß Lüsewitz/Gatersleben).

**Dr. Reinhard Fritsch**, 01.10.2009 bis 31.12.2014, Finanzierung durch DFG (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

**Azadeh Akhavan Roofgar**, Isfahan University, Department of Biology, Faculty of Science, Isfahan, Iran, 23.08.2012 bis 15.11.2012, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

**Dr. Nicolai Matthias Nürk**, Universität Heidelberg, Heidelberg, Deutschland, mehrere Aufenthalte im Zeitraum vom 01.01.2012 bis 15.02.2013, Finanzierung durch DFG (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

**Petra Šarhanová**, Palacký University, Biosystematics and Ecology, Department of Botany, Olomouc, Tschechische Republik, 01.01.2012 bis 30.06.2012, Finanzierung durch DAAD Scholarship (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie; Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis; Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

**Firouzeh Bordbar**, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran, 02.03.2013 bis 15.07.2013, Stipendium des Iranischen Bildungsministeriums (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

**Jonathan Brassac**, 01.10.2013 bis 28.02.2014, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

## Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

**Maria Dolores Ruiz**, Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera, IFAPA CENTRO „Alameda des Obispo“, Cordoba, Spanien, 16.01.2012 bis 15.03.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution).

**Dr. Thi Ha Giang Vu**, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtung, Köln, Deutschland, 01.01.2012 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution).

**Tran Duc Trung**, Plant Resource Center (PRC), Division of Agricultural Biodiversity, Vietnam Academy of Agricultural Science, Hanoi, Vietnam, 01.01.2012 bis 30.09.2014, Finanzierung durch MOET-Stipendium Vietnam (Prof. Dr. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution; Prof. Dr. C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Dr. Armin Meister**, 13.03.2012 bis 17.04.2012 und 01.12.2012 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung/IPK (Prof. Dr. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution; Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Prof. Dr. Anna Magdalene Wobus**, 01.01.2011 bis 31.07.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution; Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Dr. Mette**, 01.01.2013 bis 31.01.2013, Eigenfinanzierung und 01.02.2013 bis 30.06.2014, Finanzierung durch Projektmittel der Universität Hohenheim (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Prof. Dr. Ingo Schubert**, 01.01.2013 bis 30.04.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Guozheng Liu**, Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, 01.11.2013 bis 31.10.2016, Finanzierung durch Universität Hohenheim/IPK (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Jonathan Mühleisen**, Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, 01.03.2013 bis 31.12.2013, Finanzierung durch Stipendium BMBF-BLE (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Andreas Finke**, 01.01.2013 bis 30.06.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Rocio Rubio Rovira**, Sevilla, Spanien, 18.07.2013 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. J. Reif; Dr. Thi Ha Giang Vu/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Yu Wang**, Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, 31.03.2013 bis 28.02.2014, Finanzierung durch BMBF-Scholarship (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Yuan Yuan**, Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, 01.11.2013 bis 30.06.2014, Finanzierung durch Universität Hohenheim (Prof. Dr. J. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

**Dr. Ali Mohammad Banaei Moghaddam**, 16.01.2012 bis 31.03.2012, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Maria Cuacos**, University Madrid, Madrid, Spanien, 09.07.2012 bis 20.08.2012, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Dr. Violetta Kotseruba**, Academy of Science in St. Petersburg Biosystematics & Cytology Department Kamarov, Botanical Institute of the Russia, St. Petersburg, Ukraine, 21.04.2012 bis 16.05.2012, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Dr. Lu Ma**, University of London, Queen Mary and Westfield College, Biological and Chemical Science, London, Großbritannien, 01.02.2012 bis 30.06.2015, Eigenfinanzierung; 18.10.2012 bis 26.09.2015, Finanzierung durch Marie-Curie-Fellowship (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Wei Ma**, Northwest A&F University, Shaanxi, China, 27.09.2012 bis 16.09.2016, Finanzierung durch China Scholarship Council - CSC (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**André Seco Marques da Silva**, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasilien, 12.04.2013 bis 08.10.2013, Finanzierung durch Sandwich-Stipendium (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Dr. Ekatarina Badaeva**, Laboratory of Molecular Karyology, Engelhardt Institute of Molecular Biology, Moskau, Russland, 13.05.2013 bis 31.05.2013, Scholarship DFG (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Eva Tomastikova**, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, 12.01.2013 bis 17.07.2013, ERASMUS-Fellowship (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Miroslava Karafiatova**, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Olomouc, Tschechische Republik, 03.02.2013 bis 28.02.2013, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Miroslava Havrankova**, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Olomouc, Tschechische Republik, 08.04.2013 bis 03.05.2013, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Dr. Colin Ruprecht**, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm, Deutschland, 22.04.2013 bis 26.04.2013, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Sonja Klemme**, 01.06.2013 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

**Dr. Ana C. Delaunay Caperta**, Instituto Superior de Agronomia (ISA), Lissabon, Portugal, 23.01.2012 bis 11.02.2012, Finanzierung durch Instituto Superior de Agronomia (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Petra Šarhanová**, Palacký University, Biosystematics and Ecology, Department of Botany, Olomouc, Tschechische Republik, 01.01.2012 bis 30.06.2012, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie; Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis; Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

**Michal Sochor**, Palacký University of Olomouc, Olomouc, Tschechische Republik, 05.03.2012 bis 08.06.2012 und 17.10.2012 bis 21.12.2012, Eigenfinanzierung (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Dr. Lars-Gernot Otto**, 01.01.2012 bis 31.05.2012, Eigenfinanzierung (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Mariateresa Lazzaro**, University Perugia, Perugia, Italien, 07.11.2012 bis 20.12.2012, Eigenfinanzierung (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Ana Sofia Rois**, Instituto Superior de Agronomia (ISA), Lissabon, Portugal, 26.09.2012 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Beatriz Maria Navarro Dominguez**, University of Granada, Department of Genetics, Granada, Spanien, 17.09.2012 bis 19.12.2012, Finanzierung durch Faculty de Ciencias und 05.08.2013 bis 05.09.2013, Finanzierung durch Ministerio Cienciae Innovacion (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Marta Puente Molins**, 01.01.2012 bis 31.07.2012, Eigenfinanzierung (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Francisco Javier Valverde Morillas**, University of Granada, Department of Ecology, Granada, Spanien, 29.02.2012 bis 10.05.2012 und 06.08.2012 bis 23.12.2012; 28.02.2013 bis 04.04.2013, Finanzierung durch University of Granada (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Samuel Amiteye**, International Max-Planck-Research-School, Asutsuare, Ghana, 01.01.2012 bis 22.09.2012, Finanzierung durch International-Max-Planck-Research-School IMPRS (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**E. Eradasappa**, Central Potato Research Station, Sahaynagar, Indien, 01.01.2012 bis 11.01.2012, Finanzierung durch ein Stipendium der World Bank (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Thomas Thiel**, International Max-Planck-Research-School, Jena, 01.01.2012 bis 30.06.2012, Finanzierung durch International-Max-Planck-Research-School/UPI für Chemische Ökologie Jena (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Ingrid Garbus**, Universidad National del Sur, Departamento Agronomica, Buenos Aires, Argentinien, 21.09.2013 bis 05.10.2013, Finanzierung durch MINCYT-DAAD-Stipendium (Dr. T. F. Sharbel /Arbeitsgruppe Apomixis).

**Juan Pablo Selva**, Universidad National del Sur, Departamento Agronomica, Buenos Aires, Argentinien, 21.09.2013 bis 25.10.2013, Finanzierung durch MINCYT-DAAD- Stipendium (Dr. T. F. Sharbel /Arbeitsgruppe Apomixis).

**Marc Appelhans**, Universität Göttingen, Göttingen, Deutschland, 18.12.2013 bis 20.12.2013, Finanzierung durch Universität Göttingen (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Marika Bocchini**, University Perugia, Perugia, Italien, 08.03.2013 bis 11.09.2013, Eigenfinanzierung (Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

**Dr.-Ing. Alexander Ihlow**, Technische Hochschule Ilmenau, Ilmenau, 01.01.2012 bis 30.06.2014, Finanzierung durch TH Ilmenau (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).

**Tingting Zhang**, Huazhong Agricultural University, Wuhan, Hubei-Provice, China, 07.09.2013 bis 30.11.2013, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).

**Dr. Wanxin Chen**, 01.08.2013 bis 31.07.2014, Eigenfinanzierung, (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).

**Wenjin Hu**, Huazhong Agricultural University, Wuhan, Hubei-Province, China, 07.09.2013 bis 30.11.2013, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).

**Suneel Kumar**, The Energy and Resources Institute (TERI), Plant Tissue Culture & Molecular Biology, New Delhi, Indien, 25.05.2012 bis 31.07.2012 und 25.06.2013 bis 22.11.2013, Finanzierung durch BMBF-Scholarship (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Dr. Elena Antonova**, Institute of Plant and Animal Ecology, Ekaterinenburg, Russland, 06.10.2012 bis 30.12.2012, Finanzierung durch DFG (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Dr. Irina Leonova**, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russland, 19.11.2012 bis 19.12.2012, Finanzierung durch BLE-Scholarship (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Dr. Jose Luis Diaz De Leon**, Universidad de Baja California, La Paz, Mexiko, 01.01.2012 bis 30.09.2012 und 19.08.2013 bis 26.09.2013, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Eszter Vas**, University of Agricultural Science and Veterinary Medicine (USAMV), Cluj-Napoca, Rumänien, 06.09.2012 bis 31.07.2013, Finanzierung durch Deutsche Bundesstiftung Umwelt (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Dinisha Bisaria**, Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Großbeeren, Deutschland, 15.02.2012 bis 15.11.2012, Finanzierung durch DAAD-Scholarship (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Jemanesh Kifetew Haile**, Ethiopian Institute of Agricultural Research, Addis Abeba, Äthiopien, 01.01.2012 bis 31.12.2012, Finanzierung durch DAAD-Scholarship und 01.04.2013 bis 31.12.2013, Finanzierung durch IPK (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Mehmoona Ilyas**, University of Arid Agriculture, Shamsabad, Pakistan, 01.01.2012 bis 17.02.2012, Finanzierung durch Research Fellowship of Higher Education Commission (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Dr. Uttam Kumar**, Plant Tissue Culture & Molecular Biology (TERI), New Delhi, Indien, 25.05.2012 bis 30.06.2013, Finanzierung durch BMBF (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Ignacio Ismael Terrile**, Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Buenos Aires, Argentinien, 04.02.2013 bis 03.05.2013, Finanzierung durch Monsa Beachell-Borlaug International Scholars (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Rajesh Kalladan**, 01.05.2013 bis 31.08.2013, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

**Jahnavi Koppolu**, 16.10.2013 bis 15.02.2014, Eigenfinanzierung (Dr. R. Schmidt/Arbeitsgruppe Genomplastizität).

**Dr. Anastassia Boudichevskaia**, 01.03.2012 bis 31.03.2012, Eigenfinanzierung (Dr. R. Schmidt/Arbeitsgruppe Genomplastizität).

**Dung Phuong Le**, 01.01.2012 bis 30.09.2015, Finanzierung durch MOET/DAAD-Stipendium (Dr. R. Schmidt/Arbeitsgruppe Genomplastizität).

**Thomas Schmutzer**, Deutschland, 01.06.2012 bis 30.11.2012, Finanzierung durch Stipendium der französischen Botschaft (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).

**Burkhard Steuernagel**, Sainsbury Laboratory, Norwich, Großbritannien, 01.04.2012 bis 31.03.2014, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).

**Dr. Malgorzata Czernicka**, University of Agriculture Krakow, Department of Genetics, Plant Breeding and Seed Science, Krakow, Polen, 01.01.2012 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).

## Abteilung Molekulare Genetik

**Hea-Jung Jeon**, Kyung Hee University, Department of Horticultural Biotechnology, College of Life Science, Youngin-si, Republik Korea, 01.01.2012 bis 26.09.2013, Finanzierung durch Stipendium der koreanischen Regierung (Prof. Dr. Th. Altmann; Dr. R. Meyer/Arbeitsgruppe Heterosis).

**Dr. Michaela Ernst**, Forschungszentrum Jülich, Jülich, Deutschland, 01.01.2012 bis 31.05.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. Th. Altmann; Dr. R. Meyer/Arbeitsgruppe Heterosis).

**Dr. Michael Seifert**, 01.01.2013 bis 28.02.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. Th. Altmann; Dr. R. Meyer/Arbeitsgruppe Heterosis).

**Magdalena Pawelkowicz**, Warsaw University of Life Sciences, Warschau, Polen, 01.06.2013 bis 30.06.2013, Finanzierung durch EPPN-Projekt (Prof. Dr. Th. Altmann; Dr. A. Junker/Arbeitsgruppe Heterosis).

**Adele Muscolo**, Mediterranean University of Reggio Calabria, Department of Agriculture and Forest System Management (GESAF), Faculty of Agriculture, Calabria, Italien, 15.09.2013 bis 02.11.2013, Finanzierung durch EPPN-Projekt (Prof. Dr. Th. Altmann; Dr. A. Junker/Arbeitsgruppe Heterosis).

**Miro Sotak**, Pavol-Josef-Safarik University, Košice, Slowakische Republik, 18.11.2013 bis 04.12.2013, Eigenfinanzierung (Dr. L. Altschmied/Arbeitsgruppe Heterosis).

**Prof. Dr. Ulrich Wobus**, 01.07.2012 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).

**Maria Isabel Mora Ramirez**, Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica, 01.01.2012 bis 30.09.2015, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).

**Van Tran Thi Thuy**, Agricultural Science Institute of Northern Central Vietnam, Vinh-City, Vietnam, 01.01.2012 bis 31.08.2014, Finanzierung durch MOET-Stipendium (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).

**Bui Thi Mai Huong**, Universität Bayreuth, Bayreuth, Deutschland, 27.09.2012 bis 31.12.2015, Finanzierung durch Scholarship Government Vietnam (Dr. habil. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

**Dr. Petra Šarhanová**, Palacký University, Biosystematics and Ecology, Department of Botany, Olomouc Tschechische Republik, 01.01.2012 bis 30.06.2012, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie; Dr. T. F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis; Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

**Dr. Amal Joseph Johnston**, Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, Abteilung Biologie, Zürich, Schweiz, 01.01.2012 bis 31.08.2012 und 01.01.2013 bis 31.03.2013, Finanzierung durch Stipendium der A. von Humboldt-Stiftung (Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

**Anna Hofbauer**, Universität für Bodenkultur (BOKU), Wien, Österreich, 04.11.2012 bis 14.12.2012, Finanzierung durch Biotop Wien der BOKU (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

**Dr. Phan Trong Hoang**, University of Science, Institute of Biotechnology, Hanoi, Vietnam, 29.05.2009 bis 29.02.2012, Finanzierung durch Stipendium vom Ministry of Education and Training, Vietnam; 01.06.2013 bis 18.08.2013, Eigenfinanzierung (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

**Dr. Gudrun Mönke**, 01.03.2012 bis 30.09.2013, Eigenfinanzierung (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

**Dr. Michael Wybrow**, MONASH University, Victoria, Australien, 17.09.2012 bis 05.10.2012, Finanzierung durch Australian Research Council (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik).

**Hendrik Rohn**, 01.01.2012 bis 30.11.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik).

**Hendrik Treutler**, 01.09.2012 bis 31.07.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik).

**Dr. Kambiz Baghalian**, Islamic Azad University, Department of Horticulture, Faculty of Agriculture, Tehran, Iran, 01.06.2012 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik).

**Matthias Klapperstück**, 01.01.2013 bis 14.06.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik).

**Jean-Michel Pape**, 29.04.2013 bis 14.05.2013, Eigenfinanzierung (Dr. C. Klukas/Arbeitsgruppe Bildanalyse).

**Dr. Geetha Govind**, 16.07.2012 bis 30.09.2012, Eigenfinanzierung (Dr. N. Sreenivasulu/Arbeitsgruppe Stress-Genomik).

**Dr. Guda Maheedhara Reddy**, International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB), Plant Molecular Biology, New Delhi, Indien, 20.08.2012 bis 15.11.2012, Finanzierung durch BMBF (Dr. N. Sreenivasulu/Arbeitsgruppe Stress-Genomik).

**Marc Strickert**, Philipps-Universität Marburg, Zentrum für Synthetische Mikrobiologie (SYNMIKRO), Marburg, Deutschland, 01.01.2012 bis 30.09.2012, Finanzierung durch IPK (Dr. N. Sreenivasulu/Arbeitsgruppe Stress-Genomik).

**Dr. Raorane Manish**, International Rice Research Institute, Plant Molecular Biology, Los Banos, Philippines, 06.07.2012 bis 15.12.2012, Finanzierung durch IRRI Philippines (Dr. N. Sreenivasulu/Arbeitsgruppe Stress-Genomik).

**Javier Cordoba Jacoste**, University of Salamanca, Department of Abiotic Stress, Salamanca, Spanien, 13.04.2012 bis 15.07.2012, Eigenfinanzierung (Dr. N. Sreenivasulu/Arbeitsgruppe Stress-Genomik).

**Dr. Sudhakar Reddy Palakolanu**, International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB), New Delhi, Indien, 01.01.2012 bis 28.08.2012, Finanzierung durch Leibniz-DAAD-Stipendium (Dr. N. Sreenivasulu/Arbeitsgruppe Stress-Genomik).

**Rajesh Kalladan**, 01.01.2013 bis 31.08.2013, Eigenfinanzierung (Dr. N. Sreenivasulu, Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).

**Dr. Nese Sreenivasulu**, 01.04.2013 bis 31.03.2015, Eigenfinanzierung (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).

**Dr. Michael Seifert**, 01.05.2012 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Dr. S. Friedel/Arbeitsgruppe Dateninspektion).

## Abteilung Physiologie und Zellbiologie

**Nina Dobrowski**, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, Deutschland, 22.07.2012 bis 01.08.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Nunun Barunawati**, Brawijaya University, Malang, Indonesien, 01.01.2012 bis 30.06.2012, Finanzierung durch Staat Indonesien; 01.10.2012 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Prof. Adel Elbeltagy**, Minoufiya University, Faculty of Agriculture, Minoufiya Governorate, Ägypten, 01.10.2012 bis 31.01.2013, Finanzierung durch DAAD-Stipendium (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Fengying Duan**, China Agricultural University, Beijing, China, 01.01.2012 bis 31.10.2012, Finanzierung durch chinesische Regierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).



**Sebastian Donath**, 01.11.2012 bis 31.05.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Young-Min Kim**, Universität Kassel, Kassel, Deutschland, 01.01.2012 bis 31.01.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Medhi Ghaboli**, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran, 01.01.2012 bis 04.04.2012, Finanzierung durch Ministry of Science and Technology of Iran (Dr. M. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Mohammad Reza Ghaffari**, 01.12.2012 bis 31.01.2013 und 01.06.2013 bis 31.10.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Manopriya Chokkalingam**, Madurai Kamaraj University, Centre of Excellence in Bioinformatics, School of Biotechnology, Tamilnadu, Indien, 12.05.2012 bis 31.07.2012, Finanzierung durch Scholarship IAESTE - DAAD (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Dr. Alexandra Leskova**, Comenius University Bratislava, Bratislava, Slowakische Republik, 29.08.2012 bis 30.11.2013 und 31.12.2013 bis 28.02.2014, Finanzierung durch National Scholarship Programme of Slovak Republic (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Tiina Liiving**, 01.07.2013 bis 31.03.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén, Dr. B. Junker/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Dr. Hart Poskar**, 01.07.2013 bis 30.06.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Prof. Dr. Klaus Müntz**, 01.06.2007 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Dr. Jan Hüge**, 01.01.2013 bis 30.06.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Systembiologie).

**Mathias Franke**, Universität Würzburg, Fakultät für Biologie, Würzburg, Deutschland, 21.11.2012 bis 30.06.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wirén/Arbeitsgruppe Systembiologie).

**Laura-Maria Delprato**, Instituto de Agrobiotecnología de Rosario (INDEAR), Santa Fe, Argentinien, 10.09.2013 bis 14.12.2013, Finanzierung durch DAAD-Scholarship (Dr. M. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).

**Dr. Björn Junker**, 01.01.2013 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. v. Wirén/Arbeitsgruppe Systembiologie und Molekulare Pflanzenernährung).

**Dr. Lily Gugsä**, Universität Hohenheim, Institut für Pflanzenzüchtung, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, 01.10.2012 bis 10.11.2012, 26.07.2013 bis 18.08.2013 und 01.10.2013 bis 01.12.2013, Finanzierung durch Stipendium der Humboldt-Foundation (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

**Inés Cambra**, University of Madrid, Centre of Biotechnology, Madrid, Spanien, 13.06.2012 bis 13.08.2012, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

**Jeanette Rode**, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., Deutschland, 21.05.2012 bis 30.09.2012, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

**Dr. Isolde Saalbach**, Nordsaat Saatzucht GmbH, Langenstein/OT Böhnshausen, Deutschland, 01.01.2012 bis 31.12.2012, Finanzierung durch Nordsaat Saatzucht GmbH; 01.01.2013 bis 31.10.2013, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

**Dr. Diaa El-Din Daghma**, 01.08.2012 bis 14.08.2012, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie, Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

**Katharina Bulling**, John Innes Centre, Norwich, Großbritannien, 03.09.2012 bis 26.10.2012, Eigenfinanzierung (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Dr. Robert Nawrot**, Adam-Mickiewicz-University, Faculty of Biology, Institute of Experimental Biology, Department of Molecular Virology, Poznan, Polen, 01.07.2012 bis 31.08.2012 und 01.10.2012 bis 31.10.2012, Finanzierung durch Stipendium der Adam-Mickiewicz-University (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Rongfan Wang**, Northwest Agriculture and Forestry University, Faculty of Forestry, Yangling, China, 02.10.2012 bis 30.09.2016, Finanzierung durch China Scholarship Council – CSC (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Kathleen Merx**, 01.04.2012 bis 31.03.2013, Eigenfinanzierung (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Dr. Tariq Aftab**, Division of Germplasm Evaluation, National Bureau of Plant Genetic Resources, New Delhi, Indien, 28.11.2012 bis 30.11.2013, Finanzierung durch DAAD (Dr. H.-P. Mock; Dr. A. Matros/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Amenehsadat Hashemi**, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Department of Physiology and Proteomics, Karaj, Iran, 01.01.2012 bis 31.01.2012, Finanzierung durch ABRII (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Giuseppe Lattanzio**, Mediterranean Agronomic Institute of Zaragoza, Higher Council of Scientific Research (CSIC), Estación Experimental de Aula Dei, Departamento Nutrición Vegetal, Zaragoza, Spanien, 24.04.2012 bis 31.07.2012, Eigenfinanzierung (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Antonius Petridis**, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Griechenland, 01.07.2013 bis 30.06.2014, Finanzierung durch DAAD-Scholarship (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Darin Peshev**, Katholieke Universiteit Leuven, Institute of Botany and Microbiology, Laboratory of Molecular Cell Biology, Leuven, Belgien, 07.05.2013 bis 28.06.2014, Eigenfinanzierung (Dr. A. Matros/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Nuria Fernandez Bautista-Abad**, Universidad Politécnica de Madrid, Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA), Madrid, Spanien, 07.10.2013 bis 24.11.2013, Finanzierung durch Spanisches Stipendium (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

**Prof. Dr. S. L. Kothari**, University of Rajasthan, Centre of Converging Technologies, Bioinformatics Infrastructure Facility, Jaipur, Indien, 09.02.2012 bis 01.03.2012, Finanzierung durch INSA-Programm der DFG (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

**Muhammad Tayyab**, Agricultural University Peshawar, Peshawar, Pakistan, 08.11.2012 bis 03.08.2013, Finanzierung durch Scholarship Higher Education Commission Pakistan (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

**Pooja Pandey**, Integral University of Lucknow, Lucknow, Indien, 01.01.2012 bis 30.09.2014, Finanzierung durch scholarship DAAD-Siemens (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie; Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

**Dr. Diaa El-Din Daghma**, Universität Wageningen, Wageningen, Niederlande, 07.10.2013 bis 12.10.2013, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

**Prof. Dr. Isabella R. Prokhorenko**, Institute of Fundamental Biology, Russian Academy of Sciences, Pushino, Moscow Region, 11.07.2013 bis 12.08.2013, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

**Marek Marzec**, University of Silesia, Faculty of Biology and Environment Protection, Katowice, Polen, 11.04.2012 bis 11.05.2012; 01.06.2012 bis 25.06.2012, 23.10.2012 bis 08.11.2012; 27.11.2012 bis 21.12.2012, 02.03.2013 bis 26.03.2013, Finanzierung durch DAAD; 15.07.2013 bis 21.08.2013, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

**Kinga Sedzielewska**, 01.05.2012 bis 31.05.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Dr. Thi Minh Ha Pham**, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland, 01.02.2012 bis 14.03.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Torsten Gerlach**, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland, 01.09.2012 bis 31.03.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Anke Trautwein-Schult**, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland, 01.08.2012 bis 31.05.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Arti Kumari**, Universität of Delhi, New Delhi, Indien, 05.09.2012 bis 30.12.2012, Finanzierung durch DAAD (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Dagmara Jankowska**, 01.08.2012 bis 31.12.2012, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Nguyen Sy Nguyen**, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland, 01.12.2012 bis 31.12.2014, Finanzierung durch MOET-Scholarship (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Dr. Jan Riechen**, Firma Jäckering Mühlen- und Nahrungsmittelwerke GmbH, Hamm, Deutschland, 01.08.2013 bis 31.07.2015, Finanzierung durch Kooperationsprojekt zwischen Firma Jäckering Mühlen- und Nahrungsmittelwerke GmbH und IPK (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Maria Schwarz**, 01.04.2013 bis 31.12.2013, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

**Marion Rauter**, Orgentis Chemicals GmbH, Gatersleben, Deutschland, 01.03.2012 bis 30.04.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

## Arbeitsaufenthalte von IPK-Wissenschaftlern in anderen Einrichtungen/ Stays of IPK Researchers at Other Institutions

### Abteilung Genbank

**Dr. Helmut Knüpfer**/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation, Bioversity International, Rom, Italien, 07.10.2013 bis 11.10.2013, Finanzierung durch ECPGR.

**Dr. Ulrike Lohwasser**/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Institute of Biodiversity Conservation (IBC), Addis Abeba, Äthiopien, 13.11.2012 bis 24.11.2012, Finanzierung durch GIZ.

**Dr. Manuela Nagel**/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Universität Innsbruck, Institut für Botanik, Innsbruck, Österreich, 23.07.2012 bis 03.08.2012, Finanzierung durch IPK.

**Dr. Manuela Nagel**/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Universität Innsbruck, Institut für Botanik, Österreich, 23.10.2013 bis 03.11.2013, Finanzierung durch EU und IPK.

**Dr. Manuela Nagel**/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Université Pierre et Marie Curie, Sorbonne University, Paris, Frankreich, 17.11. 2013 bis 28.11.2013, Finanzierung durch EU und IPK.

**Dr. Joachim Keller**/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung, Bioversity International Transit Center, Leuven, Belgien, 13.10.2012 bis 18.10.2013, Finanzierung durch Global Crop Diversity Trust.

**Stephanie Nehrlich**/Arbeitsgruppe Teilsammlungen Nord, Malchow, Eurograss Breeding B.V., Hof Steimke, Deutschland, 06.02.2012 bis 11.02.2012, Finanzierung durch IPK.

**Stephanie Nehrlich**/Arbeitsgruppe Teilsammlungen Nord, Malchow, INRA Centre Poitou-Charentes, Unité de Recherche Pluridisciplinaire et Plantes Fourragères, Lusignan, Frankreich, 25.06.2012 bis 06.07.2012, Finanzierung durch IPK.

### Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

**Thomas Schmutzer**/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie, Genetics, Diversity and Ecophysiology of Cereals (GDEC) INRA, Clermont-Ferrand, Frankreich, 01.06.2012 bis 30.11.2012, Finanzierung durch EGIDE – Campus France.

**Dr. Raheleh Karimi Ashtiyani**/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Biology Centre ASCR, Institute of Plant Molecular Biology, Budejovice, Tschechische Republik, 05.11.2012 bis 23.11.2012, Finanzierung durch IPK.

**Dr. Andreas Houben**/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Universidad Federal de Pernambuco, Recife, Brasilien, 07.10.2013 bis 07.11.2013, Finanzierung durch Sandwich Program Brasilien.

**Lala Aliyeva-Schnorr**/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Olomouc, Tschechische Republik, 05.11.2012 bis 23.11.2012, Finanzierung durch IPK.

**John Thomson Lovell**/Arbeitsgruppe Apomixis, Colorado State University, Colorado, USA, 10.05.2012 bis 02.07.2012, Finanzierung durch DFG.

**Hassan Razzak**/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik, Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Centre National de Ressources Genomiques Vegetales, Toulouse, Frankreich, 13.05.2013 bis 09.06.2013, Finanzierung durch IPK.

**Jeyaraman Rajaraman**/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., Deutschland, 12.08.2013 bis 16.08.2013, Finanzierung durch IPK.

### Abteilung Molekulare Genetik

**Dr. Moses Mahugu Muraya**/Arbeitsgruppe Heterosis, Iowa State University, Ames, Iowa, USA, 02.09.2013 bis 27.09.2013, Finanzierung durch BMBF.

**Tobias Meitzel**/Arbeitsgruppe Samenentwicklung, Universität München, München, Deutschland, 03.03.2013 bis 15.03.2013, Finanzierung durch DFG.

**Prof. Dr. Falk Schreiber**/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik, Monash University, Melbourne, Australien, 01.12.2012 bis 17.12.2012, Finanzierung durch DAAD.

**Tobias Czauderna**/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik, Monash University, Melbourne, Australien, 30.10.2013 bis 23.11.2013, Finanzierung durch DAAD.

**Dr. Michael Seifert**/Arbeitsgruppe Dateninspektion, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), Institut de Biologie de l'Ecole Normale Supérieure, Paris, Frankreich, 08.02.2012 bis 18.02.2012, Finanzierung durch DAAD-PROCOPE.

**Dijun Chen**/Arbeitsgruppe Bildanalyse, Zhejiang University, Hangzhou, China, 25.04.2013 bis 22.05.2013, Finanzierung durch IPK.

**Dr. Alexander Entzian**/Arbeitsgruppe Bildanalyse, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 29.07.2012 bis 14.08.2012, Finanzierung durch IPK.

**Jean-Michel Pape**/Arbeitsgruppe Bildanalyse, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 28.11.2013 bis 12.12.2013, Finanzierung durch DAAD.

### **Abteilung Physiologie und Zellbiologie**

**Anna Burakowska**/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie, Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Biotecnología, Department of Plant Molecular Biology, Cuernavaca, Mexico, 03.03.2012 bis 23.03.2012 und 03.03.2013 bis 23.03.2013, Finanzierung durch DAAD.

**Aleksandra Muszynska**/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, University of Selesia, Department of Genetics, Faculty of Biology and Environment Protection, Katowice, Polen, 22.06.2012 bis 08.07.2012, Finanzierung durch Projekt 916018.

**Dr. Michael Melzer**/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, University of Selesia, Department of Genetics, Faculty of Biology and Environment Protection, Katowice, Polen, 08.01.2012 bis 15.01.2012, Finanzierung durch DAAD.

**Dr. Michael Melzer**/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, University of Selesia, Department of Genetics, Faculty of Biology and Environment Protection, Katowice, Polen, 11.01.2013 bis 20.01.2013, Finanzierung durch IPK.

**Dr. Michael Melzer**/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, University of California, Robert D. Ogg Electron Microscope Laboratory, Berkeley, USA, 07.09.2013 bis 14.09.2013, Finanzierung durch IPK.

**Dr. Michael Melzer**/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, Umeå Plant Science Center, Umeå, Sweden, 02.10. 2013 bis 06.10.2013, Finanzierung durch IPK.

**Dr. Likyelesh Gugsu**/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie, Plant Breeding and Genetics Section, Joint FAO/IAEA Division of Nuclear Techniques in Food and Agriculture, Wien, Österreich, 01.12.2013 bis 11.12.2013, Finanzierung durch Humboldt-Stipendium.

**Maria Schwarz**/Arbeitsgruppe Hefegenetik, Institute of Microbial Technology, Chandigarh, Indien, 20.07.2012 bis 30.08.2012, Finanzierung durch AIF (Projekt 106517).

## Lehrtätigkeit/Teaching

2012

Name der/des Lehrenden	Thema	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS
Prof. Dr. A. Graner (GB) PD Dr. A. Börner (GB) Dr. N. Stein (GB) Dr. B. Kilian (GB)	Masterstudiengang Nutzpflanzenwissenschaften, Mastermodul: Pflanzengenetische Ressourcen und Genomforschung (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	4
PD Dr. A. Börner (GB) Dr. J. Keller (GB) Dr. U. Lohwasser (GB) Dr. A. Senula (GB)	Erhaltungsstrategien und Management pflanzengenetischer Ressourcen Bachelor-Studenten (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	1
Dr. M. Nagel (GB)	Pflanzengenetische Ressourcen	Georg-August-Universität Göttingen	FB Pflanzenzüchtung	0,3
Dr. M. Nagel (GB)	Trockentoleranz von Samen und Keimung	Universität Hohenheim	FB Saatgutwissenschaft und Technik	0,3
Dr. T. Schnurbusch (GB)	Quantitative Genetik und Populationsgenetik in der Pflanzenzüchtung (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	2
Prof. Dr. I. Schubert (CYG) Dr. J. Fuchs (CYG)	Klassische und molekulare Cytogenetik (Komplexpraktikum)	Universität Kassel	Fachbereich Genetik	7
PD Dr. V. Schubert (CYG) Dr. J. Fuchs (CYG) Dr. M. Melzer (MZB)	Moderne Techniken der Mikroskopie und Cytogenetik (Bachelor-Studentenpraktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	0,5
PD Dr. A. Houben (CYG) PD Dr. V. Schubert (CYG) Dr. J. Kumlehn (PZB)	Grundlagen und moderne Techniken der Mikroskopie (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	4
PD Dr. A. Houben (CYG) Dr. H. Bäumlein (MOG)	Biotechnologie in der Pflanzenproduktion (Vorlesung und Praktikum)	Hochschule Anhalt Bernburg	FB Landwirtschaft	7
PD Dr. R. Schmidt (CYG)	Einblicke durch Genomprojekte: Was machen Pflanzen anders? (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät	2
PD Dr. R. Schmidt (CYG)	Struktur-/Funktionsbeziehungen in Eukaryontengenomen (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät	2
Dr. U. Scholz (CYG)	Einführung in die Bioinformatik (Vorlesung und Übung)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Biotechnologie, Lebensmitteltechnologie, Verfahrens- und Umwelttechnik	3
Dr. M. Lange (CYG) Dr. S. Weise (CYG)	Datenbankmanagementsysteme Medieninformatik (Bachelorstudiengang Vorlesung und Übung)	Hochschule Harz Wernigerode	FB Automatisierung und Informatik	4

Name der/des Lehrenden	Thema	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS
Prof. Dr. T. Altmann (MOG) Dr. R.C. Meyer (MOG) Dr. W. Weschke (MOG) Dr. H. Weber (MOG) PD Dr. U. Conrad (MOG) Dr. habil. L. Altschmied (MOG) Dr. S. Friedel (MOG)	Projektmodul Molekulare Genetik (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I Institut für Biologie	15
Prof. Dr. T. Altmann (MOG) Dr. H. Rolletschek (MOG)	Biologie der Samenentwicklung (Praktikum)	Universität Hannover	FB Pflanzenproteomik Institut für Pflanzen-genetik	6
PD Dr. U. Conrad (MOG)	Grundlagen der Genetik (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I FB Pharmazie	1
PD Dr. U. Conrad (MOG)	Molecular Pharming Masterkurs Pharmazeutische Biotechnologie (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I FB Pharmazie	1
Dr. habil. L. Altschmied (MOG)	Pflanzenphysiologisches Praktikum	Friedrich-Schiller-Universität Jena	Institut für Pflanzen-physiologie	4
Prof. Dr. F. Schreiber (MOG) H. Mehlhorn	Analyse biologischer Netzwerke (Vorlesung und Übung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Informatik	4
Prof. Dr. F. Schreiber (MOG) Dr. U. Scholz (CYG) Dr. S. Friedel (MOG) Dr. C. Klukas (MOG) Dr. B. Junker (PZB) Dr. H. Knüpfer (GB)	Bioinformatik-Intensivkurs Master-Studiengang Agrarwissenschaften (Vorlesung und Übung)	Christian-Albrechts-Universität zu Kiel	Agrar- und Ernährungs-wissenschaftliche Fakultät	4
Prof. Dr. N. von Wirén (PZB)	Pflanzenphysiologie: Transportprozesse über pflanzliche Membranen; Molekularer Mineralstoff-wechsel	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I Institut für Biologie	2
PD Dr. H.-P. Mock (PZB)	Pflanzenphysiologie (Grundpraktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I Institut für Biologie	4
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Molekulargenetik (Vorlesung) Bachelorstudenten der Biotechnologie, Pharmatechnik und Lebensmitteltechnologie	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Bio-wissenschaften	3
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Biosensoren (Vorlesung) Bachelorstudenten der Biotechnologie, Pharmatechnik und Lebensmitteltechnologie	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften	2
Prof. Dr. G. Kunze (PZB) Dr. M. Giersberg (PZB) Dr. K. Florschütz (PZB)	Neue Trends in der Biotechnologie (Vorlesung) Masterstudenten der Biotechnologie	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften	4
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Hefegenetik (Praktikum)	Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald	Mathematisch-Natur-wissenschaftliche Fakultät, FB Biologie Institut für Genetik und Biochemie	4
<b>Semesterwochenstunden (SWS) insgesamt:</b>				<b>91,1</b>

**2013**

Name der/des Lehrenden	Thema	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS
Prof. Dr. A. Graner (GB) PD Dr. A. Börner (GB) Dr. N. Stein (GB) Dr. B. Kilian (GB)	Masterstudiengang Nutzpflanzenwissenschaften Mastermodul: Pflanzengenetische Ressourcen und Genomforschung (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	4
PD Dr. A. Börner (GB) Dr. J. Keller (GB) Dr. U. Lohwasser (GB) Dr. A. Senula (GB) Dr. M. Nagel (GB)	Erhaltungsstrategien und Management pflanzengenetischer Ressourcen (Vorlesung und Praktikum) Bachelor-Studenten	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	1
Dr. M. Nagel (GB)	Pflanzengenetische Ressourcen	Georg-August-Universität Göttingen	FB Pflanzenzüchtung	0,3
Dr. M. Nagel (GB)	Trockentoleranz von Samen und Keimung	Universität Hohenheim	FB Saatgutwissenschaft und Technik	0,3
Dr. T. Schnurbusch (GB)	Quantitative Genetik und Populationsgenetik in der Pflanzenzüchtung (Vorlesung und Übung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	2
Dr. J. Keller (GB)	Cryopreservation and <i>in vitro</i> storage for plant germplasm conservation (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Biozentrum der Universität Halle	1,5
Prof. Dr. J.C. Reif (CYG)	Selektion in der Pflanzenzüchtung (Vorlesung und Übungen)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	4
PD Dr. V. Schubert (CYG) Dr. J. Fuchs (CYG) Dr. M. Melzer (PZB)	Moderne Techniken der Mikroskopie und Cytogenetik (Bachelor-Studentenpraktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	0,5
PD Dr. V. Schubert (CYG) PD Dr. A. Houben (CYG) Dr. J. Kumlehn (PZB)	Zytogenetik und Gentechnologie der Nutzpflanzen (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften	4
PD Dr. A. Houben (CYG) Dr. H. Bäumlein (MOG)	Biotechnologie in der Pflanzenproduktion (Vorlesung)	Hochschule Anhalt Bernburg	FB Landwirtschaft	7
PD Dr. A. Houben (CYG)	Biotechnologie in der Pflanzenproduktion – Fernstudenten (Vorlesung)	Hochschule Anhalt Bernburg	FB Landwirtschaft	3
PD Dr. A. Houben (CYG)	Advanced methods in plant cytogenetics (Vorlesung und Praktikum)	Universidade Federal de Pernambuco Recife, Brasilien	Departamento de Botânica	8
PD Dr. R. Schmidt (CYG)	Pflanzengenomprojekte: Strategien und Ergebnisse (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät	2
PD Dr. R. Schmidt (CYG)	Studien zur Chromosomenstruktur und -funktion und ihre Anwendungen in der Pflanzenbiotechnologie (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät	2
Dr. U. Scholz (CYG)	Einführung in die Bioinformatik für Bachelorstudiengang Biotechnologie (Vorlesung und Übung)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Biotechnologie	6

Name der/des Lehrenden	Thema	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS
Dr. M. Lange (CYG) Dr. S. Weise (CYG)	Datenbankmanagement- systeme Bachelorstudiengang Medieninformatik (Vorlesung und Übung)	Hochschule Harz Wernigerode	FB Automatisierung und Informatik	6
Prof. Dr. T. Altmann (MOG) Dr. W. Weschke (MOG) Dr. H. Weber (MOG) Dr. habil. H. Bäumlein (MOG) PD Dr. U. Conrad (MOG) Dr. habil. L. Altschmied (MOG)	Projektmodul Molekulare Genetik Bachelorstudiengang Biologie (Vorlesung)	Martin-Luther- Universität Halle- Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I Institut für Biologie	15
Dr. habil. L. Altschmied (MOG)	Praktikum für Pflanzenphysiologie (Lehramts- und Diplomstudenten)	Friedrich-Schiller- Universität Jena	Institut für Pflanzenphysiologie	4
Prof. Dr. F. Schreiber (MOG)	Analyse biologischer Netzwerke (Vorlesung und Übung)	Martin-Luther- Universität Halle- Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Informatik	4
Prof. Dr. F. Schreiber (MOG) Dr. C. Klukas (MOG) Dr. U. Scholz (CYG) Dr. M. Lange (CYG) Dr. H. Knüpfner (GB) M. Oppermann (GB)	Bioinformatik (Vorlesung und Übung)	Christian-Albrechts- Universität Kiel	Agrar- und Ernährungs- wissenschaftliche Fakultät	4
Prof. Dr. N. von Wirén (PZB)	Transportprozesse über pflanzliche Membranen (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther- Universität Halle- Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I FB Pflanzenphysiologie	4
PD Dr. H.-P. Mock (PZB)	Pflanzenphysiologie (Grundpraktikum)	Martin-Luther- Universität Halle- Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I FB Biologie	4
Dr. J. Kumlehn (PZB)	Masterkurs Cytogenetik und Gentechnik	Martin-Luther- Universität Halle- Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Agrarwissenschaften, Geowissenschaften und Informatik	1,3
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Molekulargenetik (Vorlesung) Bachelorstudenten der Biotechnologie, Pharmatechnik und Lebensmitteltechnologie	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften	3
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Biosensoren (Vorlesung) Bachelorstudenten der Biotechnologie, Pharmatechnik und Lebensmitteltechnologie	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften	4
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Neue Trends in der Biotechnologie (Vorlesung) Masterstudenten der Biotechnologie	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften	1
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Hefegenetik (Praktikum)	Ernst-Moritz-Arndt- Universität Greifswald	Mathematisch- Naturwissenschaftliche Fakultät, FB Biologie Institut für Genetik und Biochemie	4
<b>Semesterwochenstunden (SWS) insgesamt:</b>				<b>99,9</b>



## Mitarbeit an wissenschaftlichen Zeitschriften/ Editing Scientific Journals

Mitarbeiter des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung sind Herausgeber bzw. Mitherausgeber folgender Zeitschriften:

- Agriculture**, Plant Production Research Center, Piestany, Slovak Republic (A. Börner, Editorial Board).
- BBA Gene Regulatory Mechanisms**, Elsevier, Maryland Heights, USA (A. Houben, Editorial Board).
- Biotechnology in Agriculture and Forestry**, Springer, Berlin (J. Kumlehn, Series Editor).
- Biotechnology Research International**, Hindawi, Publishig Corporation, New York, USA (U. Conrad, Subject Editor; J. Kumlehn, Editorial Board).
- BMC Biotechnology**, BioMed Central Ltd, London, UK (U. Conrad, Associate Editor).
- BMC Plant Biology**, BioMed Central Ltd, London, UK (N. Stein and N. Sreenivasulu, Associate Editor).
- BMC Research Notes**, BioMed Central, London, UK (B. Junker, Associate Editor).
- BMC Systems Biology**, BioMed Central, London, UK (F. Schreiber, Associate Editor).
- Cell Biology and Toxicology**, Springer, Dordrecht, The Netherlands (Anna M. Wobus, Consulting Editor).
- Cells Tissues Organs**, Karger AG, Basel, Switzerland (Anna M. Wobus, Associate Editor).
- Cereal Research Communications**, Akadémiai Kiadó, Budapest, Hungary (A. Börner, Editorial Board).
- Chromosoma**, Springer, New York, USA (I. Schubert, Associate Editor).
- Chromosome Research**, Springer, Dordrecht, The Netherlands (A. Houben, Editorial Advisory Board).
- Current Trends in Biotechnology and Pharmacy**, Association Biotechnology and Pharmacy ABAP, Guntur, India (N. Sreenivasulu, Editorial Board).
- Cytogenetics & Genome Research (CGR)**, Karger AG, Basel, Switzerland (I. Schubert, Editorial Board; A. Houben, Associate Editor).
- Electronic Wheat Information Service**, University, Kobe, Japan (A. Houben, Editorial Advisory Board).
- Field and Vegetable Crops Research**, Graphic, Novi Sad, Serbia (A. Börner, Editorial Board).
- Frontiers in Crop Science and Horticulture**, Frontiers, Lausanne, Switzerland (A. Börner, Editorial Board).
- Frontiers in Plant Genetics and Genomics**, Frontiers, Lausanne, Switzerland (I. Schubert, Associate Editor; A. Houben, Editorial Advisory Board).
- Frontiers in Plant Science/Plant Microbe Interactions**, Frontiers, Lausanne, Switzerland (P. Schweizer, Editorial Board).
- Frontiers in Plant Nutrition**, Frontiers Media, Genève, Switzerland (N. von Wirén, Editor-in-Chief).
- Functional & Integrative Genomics**, Springer, Berlin-Heidelberg (N. Stein, Associate Editor).
- Genetic Resources and Crop Evolution (GRACE)**, Springer, Dordrecht, The Netherlands (K. Pistrick, Managing Editorial Board; F.R. Blattner, Editorial Board).
- Genetics**, Genetics Society of America, Bethesda, Maryland, USA (A. Houben, Associate Editor).
- Genetics and Breeding**, Bulgarian Academy of Sciences for the Bulgarian Genetical Society, Sofia, Bulgaria (I. Schubert, Editorial Board).
- GM Crops**, Landes Bioscience, Austin, USA (J. Kumlehn, Editorial Board).
- Hereditas**, Wiley-Blackwell, Oxford, UK (A. Börner, Editorial Board).
- International Scholarly Research Network (ISRN) Botany**, Hindawi Publishers (G. Hensel, Editorial Board).
- ISRN Botany**, Hindawi Publishing Corporation, Cairo, Egypt (G. Hensel, Editorial Board).
- Japanese Journal of Breeding Science**, The Japanese Society of Breeding, Tsukuba, Japan (N. Stein, Associate Editor).
- Journal fo Horticultural Research**, Research Institute of Horticulture, Skierniewice, Poland (E.R.J. Keller, Editorial Advisory Board).
- Journal of Integrative Bioinformatics (JIB)**, IMBio, Bielefeld (F. Schreiber, Associate Editor; U. Scholz, Member of Editorial Board, M. Lange, Member of Editorial Board and Managing Editor; S. Weise, Managing Editor, C. Klukas, Managing Editor).
- Journal of Integrated OMICS**, Proteomass Scientific Society, Universidade Nova de Lisboa, Portugal (A. Matros, Associated Editor).
- Journal of Plant Physiology**, Elsevier, Amsterdam, The Netherlands (J. Kumlehn, Editorial Board).
- Journal of Proteome Research**, American Chemical Society, Washington, DC, USA (H.-P. Mock, Editorial Board).
- Journal of Proteomics**, European Proteomics Association (EuPA), Delft, The Netherlands (M. Hajirezaei, Advisor).
- Journal of Stem Cells**, Nova Science Publishers, Inc., New York, USA (Anna M. Wobus, Editorial Advisory Board Member).
- Journal of Tissue Engineering and Regenerative Medicine**, John Wiley & Sons, Ltd., UK (Anna M. Wobus, Editorial Board Member).
- Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie**, German Medical Science, Köln (F. Schreiber, Advisory Board).
- Molecular Breeding**, Springer, Dordrecht, The Netherlands (A. Graner and J. Kumlehn, Editorial Board).
- Molecular Plant-Microbe Interactions (MPMI)**, APS Press, St. Paul, USA (P. Schweizer, Associate Editor).
- Physiologia Plantarum**, Wiley-Blackwell, Oxford, UK (M. Hajirezaei, Advisor).
- Plant Biology**, Wiley-Blackwell, Oxford, UK (H.-P. Mock, Editorial Board).
- Plant Biotechnology Journal**, Wiley-Blackwell, Oxford, UK (U. Conrad, Board Member).

**Plant Cell Reports**, Springer, Berlin-Heidelberg (R. Schmidt, Editorial Board).

**Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC) – Journal of Plant Biotechnology**, Springer, Heidelberg (J. Kumlehn, Editorial Board).

**Plant Genetic Resources** – Characterization and Utilization, Cambridge, UK (A. Börner, Editorial Board).

**Plant Molecular Biology Reporter**, Springer, Berlin-Heidelberg (A. Houben, Editor; R. Schmidt, Editorial Board).

**Plant Systematics and Evolution**, Springer, Berlin-Heidelberg (F.R. Blattner, Editorial Board).

**PLOS ONE**, published by PLOS, a nonprofit organization, PubMed Central, Lawrence, Kan., USA (A. Houben, Academic Editor).

**Proteomics**, Wiley-VCH, Weinheim (H.-P. Mock, Editorial Board).

**Rostaniha**, Botanical Journal of Iran, Tehran, Iran (R. Fritsch, Associate Editor).

**Scientific Reports**, (N. Stein, Associate Editor).

**Stem Cells**, AlphaMed Press, Durham, USA (Anna M. Wobus, Editorial Board Member).

**The International Journal of Developmental Biology**, The University of the Basque Country Press, Bilbao, Spain (Anna M. Wobus, Editorial Advisory Board Member).

**The New Phytologist**, Wiley-Blackwell, Oxford, UK (N. von Wirén, Scientific Advisor).

**The Nucleus**, MD Publications Pvt Ltd., New Delhi, India (I. Schubert, Advisory Board).

**The Open Mycology Journal**, Bentham Science Publishers Ltd., USA (G. Kunze, Editorial Advisory Board).

**Theoretical and Applied Genetics**, Springer, Berlin-Heidelberg (A. Graner, J. Reif, Editorial Board).

**The Scientific World Journal**, Hindawi Publishing Corporation, Delhi, India (G. Kunze, Editorial Advisory Board).

**Transgenic Research**, Springer, Berlin-Heidelberg (U. Conrad, Associate Editor).

**Vegetable Crops Research Bulletin**, Instytut Warzywnictwa, Skierniewice, Poland (J. Keller, Editorial Advisory Board).

**Zeitschrift für Pflanzenernährung und Bodenkunde**, Wiley-VCH, Weinheim (N. von Wirén, Co-Editor).

## Tätigkeit in Gremien/Activities in Boards

### Geschäftsführender Direktor

#### Prof. Dr. A. Graner

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher LEOPOLDINA, Halle/S.;
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Julius Kühn-Instituts (JKI), Quedlinburg;
- Mitglied des Beratungs- und Koordinierungsausschusses (BEKO) des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen, BMEL, Bonn;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats Otto Warburg Center for Agricultural Biotechnology, Hebrew University, Jerusalem, Israel;
- Mitglied der ACATEC Projektgruppe „Anpassungsstrategien in der Klimapolitik“;
- Vorstandsmitglied InnoPlanta e.V.;
- IPK-Repräsentant in der European Plant Science Organization (EPSO);
- Mitglied Executive Board, Generation Challenge Program, Consultative Group of International Agricultural Research (CGIAR);
- Mitglied im Beirat für Genetische Ressourcen, BMEL;
- Vorsitzender des Fördervereins des Schülerlabors „Grünes Labor Gatersleben“.

### Abteilung Genbank

#### Dr. N. Stein

- Vorsitzender des „International Barley Genome Sequencing Consortium“ (IBSC, <http://barleygenome.org>);
- Co-Koordinator der „Europäischen Triticeae Genomics Initiative“ (ETGI, <http://www.etgi.org>);
- Vorsitzender des Scientific Coordinating Committee (SCC) der Förderinitiative „GABI-Future“ des BMBF;
- Vorsitzender des Scientific Coordinating Committee (SCC) der Förderinitiative „Pflanzenbiotechnologie 2030“ des BMBF.

#### Dr. H. Knüpffer

- Koordinator des Cereals Network sowie Chairman der Barley Working Group des European Co-operative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR);
- Mitglied der Network Coordinating Group des Documentation and Information Network des ECPGR;
- Mitglied der Arbeitsgruppe zum Europäischen Kooperationsprogramm pflanzengenetischer Ressourcen (ECPGR) des Beratungs- und Koordinierungsausschusses für pflanzengenetische Ressourcen (BeKo) von Bund und Ländern (unter Leitung des BMELV);

- Mitglied des International Barley Core Collection Committee (Bioversity International);
- Mitglied der Arbeitsgruppe Biodiversity Information Standards (TDWG – ehemals Taxonomic Databases Working Group).

#### Priv.-Doz. Dr. A. Börner

- Koordinator der European Cereals Genetics Co-operative (EWAC);
- Vorsitzender der Cereals Section of the European Association for Research on Plant Breeding (EUCARPIA);
- German Country Representative of the European Association for Research on Plant Breeding (EUCARPIA);
- Mitglied des Seed Storage Committee of the International Seed Testing Association (ISTA);
- German Representative of Working Group Wheat of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR);
- Vorsitzender der Arbeitsgemeinschaft Saatgut und Sortenwesen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (GPW) und der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ);
- Mitglied der Beratungsgruppe Entwicklungsorientierte Agrarforschung (BEAF) der Deutschen Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ).

#### Dr. U. Lohwasser

- Mitglied des beratenden Gremiums zum Aufbau der Genbanken WEL und Zierpflanzen in Deutschland;
- Deutscher Vertreter of Working Group Solanaceae of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR);
- Vice Chair of the Working Group Leafy Vegetable of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR).

#### Dr. J. Keller

- Mitglied der Koordinierungsgruppe des ECPGR (European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources) Vegetables Network und Chairman der *Allium*-Arbeitsgruppe;
- Vorstandsmitglied der Gemeinschaft Deutscher Kryobanken.

#### Dr. K.J. Dehmer

- Mitglied in der ECPGR Working Group on Potato;
- Councillor der European Association for Potato Research (EAPR).

#### E. Willner

- Stellvertretende Vorsitzende der ECPGR Working Group on Forages.

**Dr. K. Pistrick**

- Mitglied im Nomenclature Committee of the International Seed Testing Association (ISTA).

**Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse**

**Prof. Dr. J.C. Reif**

- Mitglied proWeizen, Gesellschaft für Erwerb und Verwertung von Schutzrechten – GVS mbH, Bonn.

**Prof. Dr. I. Schubert**

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher LEOPOLDINA – Nationale Akademie der Wissenschaften Halle/S.
- Vorsitzender der Arbeitsgemeinschaft Cytogenetik der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ).

**Priv.-Doz. Dr. A. Houben**

- International Coordinator of Translocations and Balanced Tertiary Trisomics in Barley.

**Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt**

- Gewähltes Mitglied des DFG-Fachkollegiums „Pflanzenwissenschaften“.

**Dr. habil. P. Schweizer**

- Mitglied der Zentralen Kommission für Biologische Sicherheit (ZKBS), Bereich Pflanzenzucht.

**Dr. M. Lange**

- Schriftführer der GI/GMDS-Fachgruppe „Informationsmanagement in der Biotechnologie“.

**S. Weise**

- Stellvertretender Sprecher der GI/GMDS-Fachgruppe „Informationsmanagement in der Biotechnologie“.

**Abteilung Molekulare Genetik**

**Prof. Dr. T. Altmann**

- Mitglied des Multinational *Arabidopsis* Steering Committee;
- Mitglied im Gutachtergremium der IMPRS des MPI-PZ, Köln;
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Nottingham *Arabidopsis* Stock Centre (NACS);
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP).

**Prof. Dr. F. Schreiber**

- Mitglied im Präsidium der Gesellschaft für Informatik;
- Sprecher des Lenkungsgremiums der Gesellschaft für Informatik (GI) und der Gesellschaft für Medizinische Informatik, Biometrie und Epidemiologie (GMDS) des Fachbereichs „Informatik in den Lebenswissenschaften“;
- Mitglied im German/Russian Virtual Network on Bioinformatics;
- Mitglied im Sino/German Network of Computational & Integrative Biology;
- Sprecher der Fachgruppe Informationsmanagement in der Biotechnologie der Gesellschaft für Informatik (GI);
- Mitglied des Leitungsgremiums der Fachgruppe „Visual Computing in Medizin und Biologie“ der Gesellschaft für Informatik (GI).

**Abteilung Physiologie und Zellbiologie**

**Prof. Dr. N. von Wirén**

- Mitglied des „IPNC-Steering Committees“ (International Plant Nutrition);
- Vizepräsident der Deutschen Gesellschaft für Pflanzenernährung;
- Fachgutachter der Deutschen Forschungsgemeinschaft im Fachkollegium 207 „Agrar-, Forstwissenschaften, Gartenbau und Tiermedizin“;
- Mitglied des Scientific Advisory Boards des „Department of Agriculture & Ecology of the University of Copenhagen“;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie, Halle/S.;
- Ständiges Mitglied des Begutachtungsgremiums der Minerva-Stiftung der Max-Planck-Gesellschaft;
- Mitglied des Direktoriums des Leibniz-WissenschaftsCampus „Pflanzenbasierte Bioökonomie“ mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S.

**Prof. Dr. G. Kunze**

- Mitglied im wissenschaftlichen Beirat der Fa. ARTES Biotechnology GmbH.

**Dr. M. Giersberg**

- Mitglied im DIN-Ausschuss: Normenausschuss Wasserwesen.

**Dr. B.H. Junker**

- Mitglied im Zukunftsforum Biotechnologie der DECHEMA e.V., Arbeitskreis Systembiologie und Synthetische Biologie;
- Mitglied der Fachgruppe Systembiologie und Synthetische Biologie der DECHEMA e.V.

## Öffentlichkeitsarbeit/Public Relations

### Informationsveranstaltungen und Führungen/Informative Events and Guided Tours

#### 2012

##### 13. Januar 2012

Besuch einer Gruppe niederländischer Kartoffelzüchter, 4 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (K. Diekmann).

##### 24. und 25. Januar 2012

Besuch von Vertretern des Holländischen Züchterhauses ENZA, Zaden, 2 Personen, Vorstellung des Instituts, Besuch der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse sowie der Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie (R. Schnee, Dr. I. Lermontova, Dr. habil. A. Houben, Dr. J. Kumlehn).

##### 16. Februar 2012

Besuch von V. Kommerell, Hamburg, Vorstellung der Aufgaben der Genbank und Besichtigung, Besuch der Arbeitsgruppen Gen- und Genomkartierung sowie Hybridweizen (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. M. Gils, Dr. H. Knüpfner, Dr. M. Röder).

##### 17. Februar 2012

Besuch der wissenschaftlichen Koordinatorin des WissenschaftsCampus Halle, Besichtigung der Arbeitsgruppen Angewandte Biochemie und Stress-Genomik (Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock, Dr. N. Sreenivasulu, Prof. Dr. A. Graner, R. Schnee).

##### 28. Februar 2012

Besuch von Vertretern des Ministeriums für Wissenschaft und Wirtschaft des Landes Sachsen-Anhalt, Magdeburg, 2 Personen, Vorstellung des Instituts, weitere Gespräche (Prof. Dr. A. Graner, Prof. Dr. I. Schubert, Prof. Dr. T. Altmann, S.-A. Lorenz).

##### 2. März 2012

Besuch von Prof. M. Sorrels, Cornell University, Ithaca, USA, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

##### 5. März 2012

Besuch von Mitgliedern des Vereins Freunde fürs Leben e.V., Halberstadt, 20 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und eines Gewächshauses (R. Schnee).

##### 16. März 2012

Besuch von Studenten der Universität Kiel, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Keimfähigkeit, Saatgutaufreinigung/Ernteerfassung/Erntekontrolle mit Herbar und Samensammlung, Führung durch die Genbank (Dr. U. Lohwasser, M. Oppermann, S. Pistrick, A. Winger, M. Kotter, S. Schmidt, B. Harke, B. Schmidt, S. Eickmeier).

##### 16. März 2012

Besuch von Schülern der Takefu High Super Highschool, Fukui, Japan, und des Gymnasiums Blankenburg, 32 Personen, Vorstellung des Instituts, Wie Pflanzen mit Trockenstress umgehen: das Beispiel Gerste, Führung durch die Genbank, Ein mikroskopischer Streifzug durch die Pflanzenwelt, Vorführung der automatischen Anlage zur bildlichen Merkmalerfassung in Pflanzen (R. Schnee, Dr. C. Seiler, Dr. U. Lohwasser, Dr. M. Melzer, Dr. T. Rutten, M. Wiesner).

##### 23. März 2012

Besuch eines indischen Wissenschaftlers, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (Dr. K. J. Dehmer, U. Behrendt, K. Diekmann).

##### 13. April 2012

Besuch einer Interessentengruppe anlässlich der 50. Wiederkehr des Todestages von Prof. Werner Rothmaler, 8 Personen, Vorstellung des Instituts und Führung durch die botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick, R. Schnee).

##### 24. April 2012

Besuch von Teilnehmern der GFP-Sommertagung, 35 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank (S. Nehrlich, E. Willner).

##### 27. April 2012

Besuch einer Gruppe lernbehinderter Menschen aus Aschersleben, 6 Personen, Führung durch das Gewächshaus Genbank und Tropengewächshaus (J. Marlow).

##### 4. Mai 2012

Besuch von Thüringer Raiffeisen-Niederlassungsleitern, 15 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank mit Besichtigung des Keimfähigkeitslabors und des Samenkühlagers (R. Schnee).

##### 9. Mai 2012

Besuch im Rahmen eines Absolvententreffens, 13 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (E. Willner).

##### 18. Mai 2012

Besucher anlässlich der EPSO-Veranstaltung „Faszination Pflanze“, 6 Personen, Begrüßung und Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank: Pflanzenvielfalt erhalten, Mit Hochdruck gefroren: Pflanzen optimal fürs Mikroskopieren vorbereiten, Hauchdünn: Ansichten von gefrorenen Kornquerschnitten (R. Schnee, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, M. Wiesner, U. Siebert).

**30. Mai 2012**

Besuch von Mitarbeitern einer Diabetes-Praxis, Wanzleben, 10 Personen, Rundgang durch die Genbank, Feldbesichtigung, Gewächshausführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, P. Schreiber, J. Marlow).

**30. Mai 2012**

Besuch von Studenten der Universität Hamburg, 13 Personen, Vorstellung des Instituts und Führung durch die Arbeitsgruppe Genomdiversität, Besichtigung der Kulturpflanzenbank und der Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock, R. Schnee).

**7. Juni 2012**

Besuch von Studenten der Universität Rostock, Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät/Agrobiotechnologie, 10 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt, K. Diekmann, S. Pelikan).

**7. Juni 2012**

Besuch von Gartenbaustudenten, Geisenheim, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Informationen über die Aufgaben der *In vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung und anschließende Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Senula, P. Schreiber).

**9. Juni 2012**

Besucher anlässlich des Tages der offenen Tür und 6. Fest der Begegnung, ca. 60 Personen, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen des Bereiches Taxonomie und Evolution (Herbarium, Samen- und Fruchtsammlung sowie Ährensammlung) sowie durch die Ausstellung „Paul Schuster (1876 bis 1965) – Botaniker und Pfarrer in Meisdorf“ (Dr. K. Pistrick).

**12. Juni 2012**

Besuch von Studenten der FH Südwestfalen, Fachbereich Agrarwirtschaft, Soest, 8 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Elektronenmikroskopie in der Pflanzenforschung, Besichtigung der Feldflächen (R. Schnee, Dr. U. Lohwasser, Dr. T. Rutten, P. Schreiber).

**12. Juni 2012**

Besuch von Studenten der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 9 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Informationen über die Aufgaben der *In vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Besichtigung der LemnaTec-Anlage und Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Senula, P. Schreiber).

**12. Juni 2012**

Besuch einer Mitarbeiterin des Ministeriums für Landwirtschaft, Mecklenburg-Vorpommern, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt).

**13. Juni 2012**

Führung durch die Vermehrungsbestände der Genbank für Institutsmitarbeiter, 50 Personen (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, P. Schreiber).

**14. Juni 2012**

Besuch von Beratern der Dow AgroSciences GmbH, München, 6 Personen, Vorstellung des Instituts und Rundgang durch die Genbank, Feldbesichtigung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, P. Schreiber).

**18. Juni 2012**

Besuch von Agrarwissenschaftlern, Rostock, 16 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Feldflächen (R. Schnee, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, P. Schreiber).

**20. Juni 2012**

Besuch von Mitarbeitern verschiedener Landwirtschaftsbetriebe, Raiffeisenverband Fulda, 20 Personen, Rundgang durch die Genbank, Feldbesichtigung (P. Schreiber).

**20. Juni 2012**

Besuch von Studenten, Department of Crop Sciences, Tulln, der University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna, 25 Personen, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen (Herbarium, Samen- und Frucht- sowie Ährensammlung), Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben von Botanischen Vergleichssammlungen, Besichtigung der LemnaTec Anlage und Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. K. Neumann, P. Schreiber).

**21. Juni 2012**

Besuch von Mitgliedern des Vereins „Junge Wirtschaft Harz e.V.“ und der „Landwirtschaftlichen Entwicklungsgesellschaft Harz e.V.“, 20 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und Rundgang durch das Genomzentrum, Feldbesichtigung (R. Schnee).

**21. Juni 2012**

Besuch von Mitarbeitern der Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie des IPK Gatersleben, 2 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (K. Diekmann).

**25. Juni 2012**

Besuch von Studenten der Universität Kassel-Witzenhausen, 18 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt).

**26. Juni 2012**

Besuch von Senioren des Vereins „Freunde fürs Leben“ Aschersleben, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und Besichtigung des Campus (R. Schnee).

### 27. Juni 2012

Führung von Teilnehmern der European Plant Breeding Academy der University of California, Davis, USA, 21 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Erläuterungen zu Inhalt und Aufgaben der Botanischen Vergleichssammlungen, Besichtigung der Feldflächen (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick).

### 28. Juni 2012

Besuch von Nickerson-Zwaan, Rotterdam, Niederlande, 2 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, der *In vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Führung durch die Genbank und Besichtigung der Feldflächen (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. U. Lohwasser).

### 2. Juli 2012

Besuch von Landwirten anlässlich eines InnoPlanta-Treffens, 20 Personen, Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, P. Schreiber).

### 2. Juli 2012

Besuch von Studenten der Universität Göttingen, 37 Personen, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen (Herbarium, Samen- und Frucht- sowie Ährensammlung), Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben von Botanischen Vergleichssammlungen, Führung durch die Gewächshäuser und Freilandflächen der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. H. Knüpfner, Dr. J. Keller, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel).

### 3. und 4. Juli 2012

Besuch einer Mitarbeiterin des International Rice Research Institute (IRRI), Los Banos, Philippinen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank sowie der Arbeitsgruppen Heterosis, Stress-Genomik, Transkriptomanalyse und Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum sowie der Arbeitsgruppen Molekulare Pflanzenernährung und Genomdiversität (R. Schnee, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. N. Sreenivasulu, Dr. habil. P. Schweizer, Prof. Dr. N. von Wirén, Dr. N. Stein).

### 4. Juli 2012

Besuch von Prof. J. Vollmann, University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna (BOKU), Tulln, Österreich, anlässlich eines Seminars, Vorstellung der Aufgaben der Genbank mit Besichtigung des Herbariums und der Gewächshäuser sowie der LemnaTec Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, Dr. M. Nagel, Dr. K. Neumann, B. Schmidt).

### 9. Juli 2012

Besuch von Studierenden und Aspiranten an der Hochschule Anhalt, Bernburg, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und Führung durch die Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, R. Schnee).

### 14. Juli 2012

Besuch von Mitgliedern der CDU Oberharz, 30 Personen, Führung durch die Genbank, Vorführung der LemnaTec-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. C. Klukas).

### 18. Juli 2012

Besuch von Auszubildenden des Leibniz-Instituts für Festkörper- und Werkstoffforschung (IFW) Dresden, 18 Personen, Vorstellung des Instituts, Rundgang über den Campus und Besichtigung der Feldflächen, Mikroskopie in der Pflanzenforschung, Führung durch die Genbank (Dr. M. Melzer, R. Schnee).

### 25. Juli 2012

Besuch von Prof. R. Chizzola und Mitarbeitern der Veterinärmedizinischen Universität Wien, Institut für Angewandte Botanik und Pharmakognosie, Wien, Österreich, anlässlich eines Seminars, 6 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen und des Samenkühllagers, Vorstellung der Ag *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung, Besichtigung der Feldflächen (Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick).

### 30. Juli 2012

Besuch von Dr. Naoto Kadotani, NODAI Research Institut, Tokyo, Japan, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Vorstellung der Ag *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung (Dr. U. Lohwasser, Dr. A. Senula).

### 14. August 2012

Besuch von Studenten der Universität Göttingen, 18 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und des Genomzentrums, Führung durch den Staudengarten (R. Schnee).

### 27. August 2012

Besuch von Dr. O. Zvereva, VIR St. Petersburg, Russland, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen, Informationen über die Aufgaben der Ag Genbankdokumentation und der *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung, Besichtigung der Gewächshäuser und Freilandflächen der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, Dr. H. Knüpfner, Dr. K. Pistrick, Dr. A. Senula, J. Marlow).

### 27. August 2012

Besuch von bulgarischen Studenten, 6 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (K. Diekmann).

### 28. August 2012

Besuch einer Selbsthelfergruppe aus dem Mansfelder Land, 10 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick).

### 4. September 2012

Besuch von Mitgliedern des Lehrstuhls Pflanzenzüchtung der Universität Kiel, 7 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank (R. Schnee).

**4. September 2012**

Besuch vom Wissenschaftscampus Halle, 2 Personen, Vorstellung des Instituts und Rundgang durch die Genbank (R. Schnee).

**6. September 2012**

Besuch von Studenten der Universität Dresden, 10 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse (R. Schnee, Dr. J. Fuchs).

**10. September 2012**

Besuch von Dr. A. Asfaw, Sekretariat der Kommission für genetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft, FAO, Rom, Italien, Erläuterungen zu Inhalt und Aufgaben der Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

**10. und 11. September 2012**

Besuch von Wissenschaftlern der Chinesischen Academy of Science, 4 Personen, Vorstellung des Instituts, Diskussionen mit den Leitern der Arbeitsgruppen Chromosomenstruktur und -funktion, Genomdiversität, Apomixis, Samenentwicklung, Heterosis, Pflanzliche Baupläne und Pflanzliche Reproduktionsbiologie (Prof. Dr. A. Graner, Dr. habil. A. Houben, Dr. N. Stein, Dr. T. Sharbel, Dr. W. Weschke, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. L. Altschmied, Dr. J. Kumlehn, Dr. T. Schnurbusch).

**21. September 2012**

Teilnehmer eines Projekttreffens mit dem IPK, IBC, Äthiopien, 9 Personen, Vorstellung des Instituts mit anschließender Besichtigung, Besuch der Genbank (Prof. Dr. A. Graner, Dr. U. Lohwasser, R. Schnee).

**22. September 2012**

Besuch von Fachberatern Botanik des Landes Niedersachsen, 40 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank mit anschließender Führung durch die Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

**24. September 2012**

Besuch von Schülern der St. Georg-Schule, Rostock, 27 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt).

**25. September 2012**

Besuch von Schülern der Regionalen Schule, Sanitz, 26 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt).

**27. September 2012**

Besuch von Prof. L. Peruzzi, Universität Pisa, Italien, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen des Bereiches Taxonomie und Evolution (Herbarium, Samen- und Fruchtsammlung) (Dr. K. Pistrick).

**8. Oktober 2012**

Besuch von Mitgliedern der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft, Halle/S., 25 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank, Vorstellung der *In vitro*-Erhaltung, Vortrag über eine neue Klasse von Resistenzgenen, Führung durch das Genomzentrum (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. S. Marzin, Dr. M. Röder, Dr. habil. P. Schweizer).

**11. Oktober 2012**

Besuch von Vertretern des Directorate General for Agriculture and Rural Development der EU-Kommission, 7 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank, Beitrag Molekular Pharming in Pflanzen und Pilzresistenz bei Getreide (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Priv.-Doz. Dr. U. Conrad, Dr. habil. P. Schweizer, R. Schnee).

**11. Oktober 2012**

Besuch von Mitarbeitern der LfL Weihenstephan und des JKI Groß Lüsewitz, 4 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (Dr. K.J. Dehmer, K. Diekmann).

**15. Oktober, 2012**

Besucher vom PtJ Jülich, 3 Personen, Führung durch die Genbank und das Genomzentrum, Besichtigung der Phänotypisierungsanlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. L. Altschmied, Dr. R. Meyer).

**16. Oktober 2012**

Besuch von Studenten der Hochschule Bremen, 30 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Vortrag zu den Arbeiten der Taxonomie, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung sowie des Samenkühllagers, Gewächshausbesichtigung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. F. Blattner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, J. Marlow).

**17. Oktober 2012**

Besuch von Prof. Dr. P. Poschlod, Institut für Botanik, Universität Regensburg, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Informationen zur Genbankdokumentation, Führung zu den Gewächshäusern und Freilandflächen der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, M. Oppermann, C. Dittmann, Dr. M. Nagel, P. Schreiber).

**24. Oktober 2012**

Besuch von Studenten der Universität Rostock, 35 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Rundgang durch das IPK, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, R. Schnee).

**24. Oktober 2012**

Besuch von Mitarbeitern der Pflanzengenetischen Ressourcen AGES – Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH, Linz, Österreich, 2 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlun-



gen: Samenkühlager, Herbar- und Samensammlung, Informationen zur Genbankdokumentation, Vorstellung der Ag *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller, Dr. H. Knüpfner, M. Oppermann, C. Dittmann, Dr. M. Nagel).

### **30. Oktober 2012**

Besuch einer Delegation aus Nordkorea, 4 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (Dr. K.J. Dehmer, K. Diekmann).

### **1. November 2012**

Besuch einer Delegation aus Nordkorea, 6 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und der Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, R. Schnee).

### **2. November 2012**

Besuch von Dr. M. Agacka, Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Puławi, Polen, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

### **14. November 2012**

Besuch von Dr. B. Schierscher Viret, Station de Recherche Agroscope Changins-Wädenswil (ACW), Département de Recherche en Amélioration des Plantes et Ressources Génétiques, Nyon, Schweiz, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

### **15. November 2012**

Besuch von Schülern des Käthe-Kollwitz-Gymnasiums, Rostock, 16 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt).

### **16. November 2012**

Besuch einer Schülergruppe des Gymnasiums Blankenburg, 16 Personen, Besichtigung der Arbeitsgruppe Stress-Genomik (Dr. N. Sreenivasulu, R. Schnee).

### **20. November 2012**

Besuch einer Delegation der Landwirtschaftlichen Akademie der Wissenschaften Shandong, China, 6 Personen, Vorstellung des Instituts und Besuch der Genbank (R. Schnee).

### **21. November 2012**

Besuch einer Schülergruppe des Gymnasiums Quedlinburg, 28 Personen, Vorstellung des Instituts, Zellen unterem Mikroskop, Reaktion von Zellen auf Krankheiten, Was passiert während der Zellteilung?, Eizellen bei Pflanzen, Besichtigung der Genbank (Dr. M. Melzer, Dr. habil. P. Schweizer, Dr. habil. A. Houben, Dr. habil. H. Bäumlein, R. Schnee).

### **23. und 27. November 2012**

Besuch einer Delegation der Chinesischen Akademie der Agrarwissenschaften, 3 Personen, Vorstellung des IPK, Besichtigung der Genbank und der taxonomischen Sammlungen, Erläuterungen zu Inhalt und Aufgaben der Botanischen Vergleichs-

Sammlungen, Besuch der Arbeitsgruppen Ressourcengenetik und Reproduktion, *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung sowie des Pflanzengenom-Ressourcen-Centrums und der Abteilung Molekulare Genetik (Prof. Dr. A. Graner, Dr. K. Pistrick, Dr. J. Keller, Dr. P. Schweizer, Prof. Dr. T. Altmann, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, R. Schnee).

### **3. Dezember 2012**

Besuch von Schülern der Jenaplan Schule, Rostock, 28 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (U. Behrendt).

### **11. Dezember 2012**

Besuch von Vertretern der Robert-Bosch-Stiftung und Naturwissenschaftler aus Kiel, Kassel und Chemnitz, Besichtigung der Genbank und einer automatisierten Bildanlage im Gewächshaus Genomzentrum (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, I. Mücke).

### **12. Dezember 2012**

Besuch von Ms. Huang Ruoying, BGI Europe, Wien, Österreich, Vorstellung der Genbank und der Genbankdokumentation (Dr. H. Knüpfner).

## **2013**

### **7. Januar 2013**

Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Schüler einer 10. Klasse des Hansa-Gymnasiums Stralsund, 21 Personen (U. Behrendt).

### **8. Januar 2013**

Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Schüler des Hansa-Gymnasiums Stralsund, 27 Personen (U. Behrendt).

### **8. Januar 2013**

Besuch von Studenten der Hochschule Anhalt, Köthen, 27 Personen, Vorstellung des IPK, Besuch der Abt. Molekulare Genetik, der Abt. Cytogenetik und Genomanalyse, des Samenkühlagers und der Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung (Dr. habil. H. Bäumlein, Dr. habil. A. Houben, Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller, R. Schnee).

### **10. Januar 2013**

Besuch von Studenten der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Studentische Förderinitiative der Naturwissenschaften e.V., Halle/S., 20 Personen, Vorstellung des IPK, Vortrag über Grüne Gentechnik, Rundgang durch die Genbank und Gewächshäuser (R. Schnee, Dr. J. Kumlehn).

### **10. Januar 2013**

Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Schüler des Hansa-Gymnasiums Stralsund, 28 Personen (U. Behrendt).

**15. – 17. Januar 2013**

Besuch von Mrs. Deng Xin, Institute of Bast Fiber Crops of the Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, Vorstellung des IPK und der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller, Dr. A. Senula, Dr. H. Knüpffer, M. Oppermann, Dr. M. Nagel, B. Schmidt).

**21. Januar 2013**

Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Schüler der Wissenskarawane Mecklenburg-Vorpommern, 23 Personen (U. Behrendt).

**7. Februar 2013**

Besuch von Mitarbeitern des US-Konsulats Leipzig, 2 Personen, Vorstellung des IPK, Diskussion über Unterschiede im Einsatz und dem generellen Umgang mit Grüner Gentechnik und daraus resultierende Produkte zwischen Nordamerika und dem EU-Raum (Dr. W. Weschke, Dr. U. Schrader, R. Schnee).

**15. Februar 2013**

Besuch von Teilnehmern an einem Freiwilligen Ökologischen Jahr, Jugendwerk Aufbau Ost JAO gGmbH, Berlin, 30 Personen, Vorstellung des IPK, Biodiversität in der Genbank, Einsatz von Gentechnik in der Pflanzenforschung, Winterweizen mit verbessertem Kornertrag (Dr. J. Kumlehn, Dr. W. Weschke, R. Schnee).

**17. – 19. Februar 2013**

Besuch von Frau Dr. Fiona R. Hay, International Rice Research Institute (IRRI), Laguna, Philippinen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Genbank mit Gewächshäusern und Feld, Gespräche mit Mitarbeitern der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow, M. Allam, A. Bakhsh, P. Schreiber, Dr. M. Nagel).

**27. – 28. Februar 2013**

Besuch einer Referentin für die ProWeizen-Initiative der GFP, Gespräche mit Arbeitsgruppenleitern über ihre Forschungs- und Entwicklungsarbeiten zu Weizen- und Gersteaktivitäten (Dr. W. Weschke, Dr. M. Gils, Prof. Dr. A. Graner, Dr. N. Stein, Dr. B. Kilian, Dr. habil. P. Schweizer, Dr. M. Röder, Dr. T. Schnurbusch, Prof. Dr. N. von Wirén, Dr. J. Kumlehn, Prof. Dr. J. Reif, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock).

**8. März 2013**

Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Schüler der Christophorusschule Rostock, 11 Personen (U. Behrendt).

**11. – 13. März 2013**

Besuch von Studenten der Martin-Luther-Universität Halle, 4 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Sammlungen, Samenkühllager und Informationen über die Aufgaben der *In vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Führung durch die Gewächshäuser und Lemnatec-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. J. Keller, Dr. M. Nagel, P. Schreiber, S. Pistrick, M. Grube, D. Büchner).

**14. März 2013**

Besuch von Prof. Calvin Qualset, Plant Sciences Department, University of California, USA, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen, Samenkühllager und Informationen über die Aufgaben der *In vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung sowie die Aufgaben der Genomdiversität (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. N. Stein, Dr. B. Kilian).

**15. März 2013**

Besuch von Schülern der Takefu High Super Highschool, Fukui, Japan, und des Gymnasiums Blankenburg, 30 Personen, Vorstellung des IPK, Genbankführung, Ein mikroskopischer Streifzug durch die Pflanzenwelt, Vorführung der automatischen Anlage zur bildlichen Merkmalerfassung in Pflanzen (R. Schnee, Dr. M. Melzer, Dr. T. Rutten).

**18. – 19. März 2013**

Teilnehmer am wissenschaftlichen Meeting FROWHEAT (Projektmeeting), 15 Personen, Besichtigung und Informationen über die Aufgaben der Genbank (Dr. U. Lohwasser).

**20. März 2013**

Besuch von Dr. Diane Lister, McDonald Institute for Archaeological Research University of Cambridge, UK, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Sammlungen, Samenkühllager und Informationen über die Aufgaben (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, Dr. F. Blattner, Dr. H. Knüpffer, Dr. N. Tikhenko, Dr. M. Nagel, M. Allam).

**3. April 2013**

Besuch von Dr. Friederike Trognitz, AIT Austrian Institute of Technology GmbH, Österreich, *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung (Dr. J. Keller, Dr. A. Senula).

**4. April 2013**

Besuch der SPD-Kreistagsfraktion des Salzlandkreises, 13 Personen, Vorstellung des Campus, des Instituts, des Grünen Labors und InnoPlanta e.V., Einführung zu Fragen der Grünen Gentechnik bzw. deren Anwendung in der Pflanzenforschung mit anschließender Diskussion (Prof. Dr. A. Graner).

**5. April 2013**

Besuch von Mitarbeitern des Referats Bioökonomie des BMBF, 2 Personen, Vorstellung des Instituts, Apomixis-Forschung, Besuch der LemnaTec-Anlage, Genbankbesichtigung (Prof. Dr. A. Graner, Dr. T.F. Sharbel, Dr. A. Junker, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. habil. P. Schweizer).

**10. April 2013**

Besuch von Mitgliedern der Mittelstandsvereinigung, 20 Personen, Besichtigung der LemnaTec-Gewächshausanlage (Prof. Dr. N. von Wirén).

**10. April 2013**

Besuch von Schülern des Gymnasiums Neukloster, 12 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-

Sortimente der IPK-Genbank zur Berufsorientierung (V. Miehe, R. Rudloff).

#### **16. April 2013**

Besuch einer Delegation des Centre for Agricultural Research, Hungarian Academy of Sciences, Martonvásár, 2 Personen, Vorstellung des Instituts, Diskussion zur LemnaTec-Anlage und anschließende Besichtigung (Prof. Dr. T. Altmann, Dr. A. Junker, Dr. K. Neumann, Dr. C. Klukas, R. Schnee).

#### **24. April 2013**

Besuch von Prof. Christophe Bailly, Université Pierre et Marie Curie, Paris, Frankreich, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen, Führung durch die Genbank (Dr. K. Pistrick, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. M. Nagel, M. Allam).

#### **29. April 2013**

Besuch von Mitarbeitern des Leibniz-Instituts für Gemüse- und Zierpflanzenbau, Großbeeren, 5 Personen, Vorstellung der Arbeiten der Abteilung Physiologie und Zellbiologie, Führung durch die Genbank, Besichtigung Gewächshaus Genomzentrum (Dr. K. Eggert, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, S. Hengari).

#### **6. Mai 2013**

Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Studenten der Universität Rostock, 11 Personen (U. Behrendt).

#### **8. und 16. Mai 2013**

Besuch von Lehrlingen der Agrarschule Zierow, 40 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (K. Ploen, E. Willner).

#### **25. Mai 2013**

Besuch von Fachberatern der Gartenfreunde Braunschweig, 50 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen, Samenkühllager und auf dem Feld (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

#### **27. Mai 2013**

Besuch von Prof. Dr. Dr. h.c. Margit Osterloh, Center for Research in Economics, Management and the Arts (CREMA) Zürich, Schweiz, im Anschluss der Gaterslebener Lecture, 2 Personen, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Sammlungen und des Samenkühllagers (Dr. U. Lohwasser).

#### **27. – 29. Mai 2013**

Besuch von Fang Wie, National Genebank, Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, Vorstellung der Aufgaben der Genbank mit Genbankdokumentation und Genbankinformationssystem, Besichtigung der Sammlungen und Samenkühllager, Bioinformatik (Dr. H. Knüpfer, M. Oppermann, C. Dittmann, Dr. U. Lohwasser, Dr. B. Kilian, Dr. M. Lange).

#### **29. Mai 2013**

Besuch von Studenten der Hochschule Wismar, FB Verfahrens- und Umwelttechnik, 32 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (E. Willner).

#### **5. Juni 2013**

Besuch von Studenten der Fachhochschule Südwestfalen, Fachbereich Agrarwissenschaft, Soest, 5 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Feldflächen (Dr. U. Lohwasser, P. Schreiber, R. Schnee).

#### **5. Juni 2013**

Besuch von Mitarbeitern des Leibniz-Verbund Biodiversität, Berlin, 2 Personen, Besichtigung der Genbank, Vorstellung eines Projekts zur Nutzung von Gerstenmustern aus verschiedenen Genbanken, Besichtigung Genomzentrum, Besichtigung automatisierte Phänotypisierungsanlage, Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. A. Graner, Dr. B. Kilian, Dr. habil. P. Schweizer, Dr. A. Junker, P. Schreiber).

#### **5. Juni 2013**

Besuch von Mitarbeitern der KWS Lochow GmbH und GIZ Äthiopien, 3 Personen, Gespräche und Besichtigung der Genbank (Dr. U. Lohwasser).

#### **7. Juni 2013**

Besuch von Mitarbeitern der Landwirtschaftskammer NRW, 45 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Feldflächen (R. Schnee, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, P. Schreiber).

#### **11. Juni 2013**

Besuch von Mitarbeitern der Deutschen Saatveredelung AG, Lippestadt, 12 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Führung durch die Genbank, Besichtigung des Samenkühllagers (R. Schnee, S. Pistrick).

#### **14. Juni 2013**

Besuch von Mitgliedern der Interessengemeinschaft Saatgut, Quedlinburg, 5 Personen, Vorstellung des Instituts und Besichtigung der Genbank, Führung durch den Staudengarten und die Getreidevermehrungsflächen (R. Schnee, U. Schröder, M. Grau).

#### **14. Juni 2013**

Besuch des Landwirtschaftsministers, Dr. T. Backhaus, 2 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterungen zum Stand der Arbeiten der Teilsammlungen Nord in Mecklenburg-Vorpommern (Dr. K.J. Dehmer, E. Willner).

**17. Juni 2013**

Besuch von Schülern des Fachgymnasiums Stralsund, 26 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (Dr. K.J. Dehmer).

**20. Juni 2013**

Besuch von Bediensteten des Amtes für Landwirtschaft, Flurneuordnung und Forsten Süd, Halle/S., 20 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank und Vermehrungsflächen, Vortrag zu Möglichkeiten und Risiken der Genmanipulation (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. W. Weschke, R. Schnee).

**20. Juni 2013**

Besuch einer Delegation von CSIRO, Canberra, Australien, 9 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Besichtigung PGRC und der LemnaTec-Anlage (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. habil. P. Schweizer, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. T. Schnurbusch).

**24. Juni 2013**

Besuch von Studenten der Universität Rostock, 7 Personen, Vorstellung des Instituts, Einsatz von Transformationstechniken bei Getreide, Gentechnische Veränderungen im Winterweizenkorn – Methoden und Ergebnisse, Erzeugung von Wertstoffen und pharmazeutischen Wirkstoffen in Pflanzen (R. Schnee, Dr. G. Hensel, Dr. W. Weschke, Priv.-Doz. Dr. U. Conrad).

**26. Juni 2013**

Teilnehmer an einem Projekttreffen (von Dr. U. Scholz), 25 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank und Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

**2. Juli 2013**

Führung für die Mitarbeiter des IPK durch die Vermehrungsbestände der Genbank Gatersleben, 30 Personen (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, P. Schreiber).

**8. Juli 2013**

Besuch von Dr. M.A. Schoettler, Max-Planck-Institut Potsdam-Golm, anlässlich eines Genetischen Seminars, Vorstellung der Genbank und Führung (Dr. U. Lohwasser).

**10. Juli 2013**

Besuch vom Bundessortenamt Hannover, 2 Personen, Vorstellung der Genbank, Besichtigung der Sammlungen, des Genbankdokumentationssystems und der LemnaTec-Anlage, LIMS (Dr. H. Knüppfer, M. Oppermann, Dr. U. Lohwasser, R. Schnee, I. Mücke, Dr. M. Lange).

**19. Juli 2013**

Teilnehmer einer Exkursion der Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Acker- und Pflanzenbau, 15 Personen, Vorstellung des Instituts und Rundgang, Besichtigung der Genbank, Führung durch Gewächshaus und Klimakammern (R. Schnee, Dr. U. Lohwasser, E. Geyer).

**19. Juli 2013**

Besuch von Mitarbeitern der KWS LOCHOW GmbH, 8 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen, des Samenkühlagers und Genomzentrums (Dr. U. Lohwasser, Dr. N. Stein).

**25. Juli 2013**

Besuch von Dr. H. Dempewolf, Global Crop Diversity Trust, Bonn, Besichtigung der Genbankdokumentation und der Getreide-Wildarten (Dr. H. Knüppfer, Dr. N. Stein, Dr. B. Kilian).

**31. Juli 2013**

Besuch von Hortkindern der Grundschule „Käthe Schulken“ Gatersleben, 30 Personen, Vorstellung des Instituts und Rundgang (R. Schnee).

**9. August 2013**

Besuch von Mitarbeitern einer Firma für Technische Ausrüstungssysteme Sanitz, 9 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (U. Behrendt, K. Göhrke).

**10. September 2013**

Gastredner und Seminarteilnehmer der Barlomics Summer School am IPK, 30 Personen, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen (Herbarium, Samen-, Frucht- und Ährensammlung), Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben von Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

**11. September 2013**

Besuch von ehemaligen Absolventen des Woltersdorff-Gymnasiums Ballenstedt, 19 Personen, und der Landwirtschaftsfachschule Rochlitz, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Besichtigung des Samenkühlagers und der Gewächshäuser (R. Schnee, Dr. K. Pistrick, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow).

**12. September 2013**

Besuch von Schülern der 12. Klasse „Gesundheit und Soziales“ des Fachgymnasiums Quedlinburg, 15 Personen, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen (Herbarium, Samen- und Frucht- sowie Ährensammlung), Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben von Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

**12. September 2013**

Besuch von Mr. Dan Bock, University of British Columbia, Vancouver, Canada, Besichtigung der Genbank und Genbankdokumentation (M. Oppermann).

**13. September 2013**

Besuch von Schülern der 12. Klasse „Wirtschaft und Verwaltung“ des Fachgymnasiums Quedlinburg, 15 Personen, Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben von Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

#### 14. September 2013

Besuch von Mitgliedern der Akademischen Landsmannschaft im Coburger Convent, Hannover, 30 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank mit anschließender Besichtigung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

#### 18. September 2013

Besuch von ehemaligen Absolventen der Agrarwissenschaften der Universität Leipzig, 19 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch das Gewächshaus Genetik und Phytokammern, Besichtigung der Genbank und Erklärung der Aufgaben (R. Schnee).

#### 18. September 2013

Besuch von Mitarbeitern der unteren Umweltbehörde des Salzlandkreises, Standort Aschersleben, 35 Personen, Vorstellung des Instituts, Einsatz der Mikroskopie in der Pflanzenforschung, Besichtigung der Genbank und des *Allium*-Sortiments, Besuch des Staudengartens (R. Schnee, Dr. M. Melzer, Dr. T. Rutten).

#### 23. September 2013

Besuch eines amerikanischen Journalisten (Tim McDonnell) der Zeitschrift Mother Jones, Vorstellung des Instituts, Gerstengenom-Sequenzierung, Pflanzengenetische Ressourcen und Forschungspopulationen der Gerste, Informationen über die *Ex situ*-Genbank, Besichtigung der Genbank und des Campus (Prof. Dr. A. Graner, Dr. N. Stein, Dr. B. Kilian, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, R. Schnee).

#### 8. Oktober 2013

Besuch von Mitarbeitern des Botanischen Gartens, Lehrstuhl Spezielle Botanik und Funktionelle Biodiversität, Universität Leipzig, 22 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben der Botanischen Vergleichssammlungen, Rundgang durch das Institut (Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, R. Schnee).

#### 9. Oktober 2013

Besuch von L. Colville, Millenium Seedbank, Kew Gardens, Wakehurst, Großbritannien, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen (Dr. K. Pistrick).

#### 16. Oktober 2013

Besuch von Dr. H. Oliveira, CBIO-Research Centre in Biodiversity and Genetic Resources, Porto, Portugal, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen und der Gewächshaus- und Lemnatec-Anlage, anschließende Gespräche mit den Mitarbeitern der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. M. Nagel, Dr. K. Pistrick, A. Bakhsh, Dr. N. Tikhenko).

#### 17. Oktober 2013

Besuch von Dr. Yuriy L. Orlov, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russland, Vorstellung der Aufgaben in der Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Samenkühlager (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

#### 17. Oktober 2013

Besuch von Prof. R. von Bothmer, The Svalbard Global Seed Vault, NordGen, Alnarp, Schweden, anlässlich der Gaterslebener Lecture, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Samenkühlager (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

#### 22. Oktober 2013

Besuch von Studenten und Mitarbeitern der Hochschule Bremen, 30 Personen, Vorstellung des Instituts sowie der Aufgaben der Genbank, Vortrag zu den Arbeiten der Taxonomie am IPK, Erläuterungen zu Geschichte, Inhalt und Aufgaben von Botanischen Vergleichssammlungen, Führung durch das Herbarium sowie die Samen-, Frucht- und Ährensammlung, Gewächshausbesichtigung (Dr. F. Blattner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, J. Marlow, R. Schnee).

#### 5. – 6. November 2013

Besuch von Matija Obreza, Global Crop Diversity Trust, Bonn, Besichtigung der Genbankdokumentation und des Genbankinformationssystems, EURISCO (Dr. H. Knüppfer, M. Oppermann, Dr. S. Weise).

#### 6. November 2013

Besuch einer Schülergruppe des Spezialistenlabors „Biologie“ des Landes Sachsen-Anhalt, 20 Personen, Vorstellung des Instituts, Rundgang Gewächshaus und Phytokammern, Besichtigung der Genbank, Erläuterungen zu Inhalt und Aufgaben der Botanischen Vergleichssammlungen mit anschließender Besichtigung, Mikroskopieanwendungen in der Pflanzenforschung, Vortrag zur Grünen Gentechnik (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Melzer, Dr. J. Kumlehn, R. Schnee).

## Pressemitteilungen/Press Releases

### 2012

#### 17. Januar 2012

IPK Gatersleben bedauert Entscheidung der BASF Plant Science.

#### 20. Januar 2012

Diese Woche in Nature Genetics: Gute Eltern sind berechenbar – zumindest beim Mais. Für mehr Ertrag und schnellere Ergebnisse: Universität Hohenheim, MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie und IPK Gatersleben starten neues Kapitel in der Pflanzenzüchtung.

#### 23. April 2012

Konferenz zu Chromosomen, Genomen und Fragen der Artbildung. 11. Gatersleben Research Conference vom 23. bis 25. April am IPK Gatersleben.

#### 24. April 2012

Phosphor spielt entscheidende Rolle beim Ertrag. Rudolf-Mansfeld-Preis an Wilmar Leiser überreicht.

#### 27. April 2012

Mitteldeutschland wird Zentrum der deutschen und internationalen Biodiversitätsforschung.

#### 1. Juni 2012

Ohne Pflanzen geht es nicht. IPK Gatersleben lädt zum Tag der offenen Tür und Fest der Begegnung ein.

#### 27. Juni 2012

Wenn Gene wie Sterne leuchten. Nada Raddaoui erhielt den Sonderpreis „Life Sciences“ im Ideenwettbewerb Scidea 2012.

#### 21. August 2012

Win-Win für Biotechnologen. Hochschule Anhalt und Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung besiegeln Zusammenarbeit.

#### 27. August 2012

Überschüssige Chromosomen stecken voller Überraschungen. Forscher entwickeln Theorie zur Entstehung von B-Chromosomen.

#### 24. September 2012

Alle gleich und doch verschieden – die Vielfalt springender Gene in der Zuckerrübe. 9. Gaterslebener Forschungspreis an Dr. Tony Heitkam verliehen.

#### 4. Oktober 2012

Potenzial der Artenvielfalt soll voll zur Entfaltung kommen. Kooperation für besseres Saatgut und stabilere Ernten in Äthiopien.

#### 10. Oktober 2012

Gerste soll in Trockengebieten angebaut werden. Namibischer Forscher mit internationalem Klimaschutzstipendiat der Alexander von Humboldt-Stiftung am IPK Gatersleben.

#### 17. Oktober 2012

Eine neue Zukunft für eine alte Kulturpflanze: Für Gerste bricht Genomikzeitalter an.

#### 18. November 2012

Ein einzelner Buchstabe ist entscheidend. Der genetische Schalter von Winter- zu Sommergerste entdeckt.

#### 3. Dezember 2012

Getreideerträge im Visier. Internationale Leibniz-Graduiertenschule am IPK Gatersleben und Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg offiziell gestartet.

#### 7. Dezember 2012

Winterweizen mit verbesserten Ertragsseigenschaften. IPK Gatersleben startet Feldversuch zur Steigerung des Kornertrages mit mehr als 200 Winterweizenlinien in Üplingen.

### 2013

#### 16. Januar 2013

Winterweizenversuch muss verschoben werden – Derzeitige Bodenbedingungen verhindern Aussaat des Feldversuchs in Üplingen.

#### 16. Januar 2013

Deutsches Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk gestartet. BMBF fördert nationale Infrastruktur zur Analyse der Eigenschaften von Pflanzen.

#### 26. Februar 2013

Neues EU-Projekt zur Verbesserung von Saatgutqualität.

#### 15. April 2013

Nahezu 70 Jahre Genetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben.

#### 3. Juni 2013

Tag der offenen Tür in Gatersleben.

#### 27. August 2013

Getreide-Arithmetik: Wie man der Gerste das Zählen über Drei beibringt. Ein einzelnes Gen entscheidet über die Anzahl samenbildender Gewebe.

#### 25. September 2013

Vergabe des 10. Rudolf-Mansfeld-Preis. Untersuchung zu Winterroggen preisverdächtig.

#### 5. November 2013

Wildgersten rücken in den Fokus des Interesses. Eigenschaften der Ursprungsformen sollen Züchtern und Landwirten helfen.

## Presse- und Medienarbeit/Contributions in Press and Media

(soweit erfasst/as registered)

### 2012

#### 17. Januar 2012

Märkische Allgemeine: „Genetischer Fingerabdruck im Mais – Computer sagen Ertragsfähigkeit voraus“ (Prof. Dr. T. Altmann).

#### 17. Januar 2012

mdr Figaro, Interview: „BASF schließt Standort Gatersleben“ (Prof. Dr. T. Altmann).

#### 17. Januar 2012

mdr 1, Radio Sachsen-Anhalt, Interview: „Umstrukturierung BASF Plant Science“ (R. Schnee).

#### 18. Januar 2012

Mitteldeutsche Zeitung: „Rückzug von BASF ist für Gatersleben ein harter Schlag – Beziehungen sollen erhalten bleiben“ (R. Schnee).

#### 20. Januar 2012

Mitteldeutsche Zeitung: „Alleskönner *Arxula* bringt Preis ein“ – Der Gaterslebener Forscher Gotthard Kunze wird für seine Arbeit an Hefe geehrt (Prof. Dr. G. Kunze, Dr. U. Hähnel).

#### 20. Januar 2012

Nature Genetics: „Gute Eltern sind berechenbar – zumindest beim Mais“ (Prof. Dr. T. Altmann, Kooperationsprojekt mit Universität Hohenheim und Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm).

#### 22. Januar 2012

Super Sonntag: „BASF gibt Standort auf“ (R. Schnee).

#### 21. Februar 2012

Süddeutsche Zeitung: „Blüte nach 30.000 Jahren“ – Samen aus dem Permafrostboden (Prof. Dr. A. Graner).

#### 24. Februar 2012

Wochenblatt, Regensburg: „30.000 Jahre alter Leimkraut-Samen keimt aus“ (Prof. Dr. A. Graner).

#### 2. März 2012

Bayerischer Rundfunk: Interview mit Prof. Dr. A. Graner und Priv.-Doz. Dr. A. Börner und anschließende Besichtigung des Samenkühlagers, Keimfähigkeitstestlabors, Herbariums und der Ährensammlung.

#### 11. April 2012

Südkurier: „Sie schlummern in der Kälte“ – Tresor für die Vielfalt (Prof. Dr. A. Graner).

#### 25. April 2012

Mitteldeutsche Zeitung: „Experten zeigen neue Entwicklungen“ – Wissenschaftler aus aller Welt treffen sich im Gaterslebener Leibniz-Institut (R. Schnee).

#### 26. April 2012

Mitteldeutsche Zeitung: „Phosphor als Wundermittel“ – Pflanzenzüchter Willmar Leiser erhält den Rudolf-Mansfeld-Preis (R. Schnee).

#### 15. Mai 2012

Mitteldeutsche Zeitung: „Führungen, Vortrag und viel Unterhaltung“ – Tag der offenen Tür und Fest der Begegnung (R. Schnee).

#### 18. Mai 2012

Mitteldeutsche Zeitung: „Führungen in frostige Pflanzenwelt“ (R. Schnee).

#### 22. Mai 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Campus öffnet seine Türen“ - Tag der offenen Tür und Fest der Begegnung (R. Schnee).

#### 5. Juni 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Biologie zum Anfassen“ – Der Gaterslebener Biotech-Campus lädt zum Tag der offenen Tür ein (R. Schnee).

#### 7. Juni 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Dem Erbgut auf der Spur“ – Besucher erhalten auf dem Biotech-Campus einen Einblick in die wissenschaftliche Arbeit und können sich auch selbst ausprobieren (R. Schnee).

#### 11. Juni 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Gestresste Pflanzen und Tee“ – Das Gaterslebener Institut öffnete am Wochenende seine Pforten. Beim Fest der Begegnung stellten ausländische Mitarbeiter ihre Länder vor (R. Schnee, Dr. U. Lohwasser, Dr. C. Seiler, Dr. S. Friedel).

#### 14. Juni 2012

Itranskript: „Kritik an Arche Noah-PR“ (Dr. J. Keller).

#### 18. Juni 2012

Agrarzeitung/online: „Futterpflanzenzüchter nutzen Genbank“ (Dr. K. Dehmer).

#### 4. Juli 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Wenn Gene wie Sterne leuchten“ Die in Gatersleben arbeitende Nada Raddaoui erhielt den Sonderpreis ‚Life Sciences‘ im Ideenwettbewerb Scidea 2012 (N. Radaoui, Dr. A. Houben).

#### 4. Juli 2012

Wochenspiegel, Aschersleben: „Spitzenforschung gewürdigt“ – Wissenschaftliche Leistung im Gatersleber IPK eröffnet neue Möglichkeiten (R. Schnee).

#### 18. Juli 2012

agrarheute.com: „Phytophthora-Forschungsprojekt gestartet“ (Dr. K. Dehmer).

#### 24. Juli 2012

WDR, Redaktion Quarks & Co: Mitarbeit an Sendung „Die Welt geht unter“ (Dr. U. Lohwasser, Dr. M. Grau).

#### 30. August 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Wissenschaft außerhalb des Hörsaals“ – Leibniz-Institut und Hochschule Anhalt unterzeichnen Papiere (Prof. Dr. G. Kunze).

#### 31. August 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Auf der Spur alter Geheimnisse“ – Gaterslebener Forscher entwickeln Theorie zur Entstehung von B-Chromosomen (R. Schnee).

#### 25. September 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Springende Gene in der Zuckerrübe“ – Forschungspreis wird verliehen (R. Schnee).

#### 29. September 2012

WirtschaftsWoche: „Der Zuchtmeister“ – Der Biologe Timothy Sharbel will den Sex abschaffen – allerdings nur bei Nutzpflanzen (T. Sharbel).

#### 13. Oktober 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Gerste für trockene Steppen“ – Namibischer Forscher mit Klimaschutzstipendium wirkt am IPK (Dr. B. Kilian, S. Hengari).

#### 19. Oktober 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Der Schlüssel zur Gerste“ – In der Entwicklung neuer Gerstensorten wird ein neues Zeitalter anbrechen (Dr. N. Stein).

#### 8. November 2012

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Gersten-Genom entschlüsselt“ – Gaterslebener Forscher schreibt für internationale Zeitschrift (Dr. N. Stein).

#### 18. November 2012

Pflanzenforschung.de: „Genetischer Auslöser für die Unterschiede in Winter- und Sommergerste entdeckt“ (Dr. B. Kilian, Dr. N. Stein).

#### 29. November 2012

MDR Wernigerode, Interview mit Dr. B. Kilian und Besichtigung der LemnaTec-Anlage.

#### 7. Dezember 2012

mdr info, Leipzig, und Volksstimme Magdeburg, Interview: „Freisetzung Winterweizen“ (R. Schnee).

#### 28. Dezember 2012

Wiener Zeitung, Feuilleton: „Saatgut-Tresor im Dauerfrost“ – Russische Botaniker erweckten Samen nach rund 32.000 Jahren zum Leben (Prof. Dr. A. Graner).

### 2013

#### 1. März 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Maß der Pflanzen“ – Mais, Gerste und Co. werden immer genauer vermessen. Die Ergebnisse sollen helfen, ertragreiche und widerstandsfähige Sorten zu züchten (Prof. Dr. T. Altmann).

#### 5. März 2013

TV Russia-2, Interview und Filmaufnahmen in der Genbank und im Genomzentrum (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. N. Stein).

#### 22. März 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Schlüssel für Langlebigkeit“ – EU-Projekt widmet sich der verbesserten Lagerfähigkeit von Nutzpflanzen-Saatgut (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. M. Nagel).

#### 26. März 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Gentechnik – Pro und Kontra“ (R. Schnee).

#### 26. März 2013

WDR 5, Hörfunk, Interview: „Winterweizenfreisetzungsvorversuch und unvorhergesehene Effekte bei Freisetzung“ (Dr. W. Weschke, R. Schnee).

#### 12. April 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Leibniz-Institut feiert heute sein Jubiläum“ (R. Schnee).

#### 13./14. April 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Geheimnissen auf der Spur“ – Das IPK existiert seit 70 Jahren (Prof. Dr. A. Graner).

#### 13./14. April 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Die Erinnerung bildet das Gerüst“ – Buch über die IPK-Geschichte erscheint (Prof. Dr. K. Müntz, Prof. Dr. U. Wobus).



### 23. Mai 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Offene Türen“ – Biotech-Campus Gatersleben lädt ein (R. Schnee).

### 2. Juni 2013

Super Sonntag, Nr. 22, Aschersleben/Quedlinburg: „Forschung für Jung und Alt“ – Tag der offenen Tür (R. Schnee).

### 5. Juni 2013

WochenSpiegel, Aschersleben: „Der Campus öffnet seine Türen“ – Beim Biotechnologiezentrum Gatersleben mal hinter die Kulissen schauen (R. Schnee).

### 6. Juni 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Für Teetrinker und Experimentierfreudige“ – Der Biotechnologie-Campus in Gatersleben öffnet seine Türen. Institut, Firmen und Vereine gewähren Einblick in ihre Arbeiten (R. Schnee).

### 10. Juni 2013

Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: „Blick durchs Supermikroskop“ – Der Biotech-Campus hat seine Türen weit geöffnet (Dr. V. Schubert).

### 13. und 14. August 2013

cinéma copains, Berlin, Interview und Filmaufnahmen: „Fragen zur Biodiversität, Genbank und Sortenschutz, Ernte der Getreidepflanzen, Geschichte des IPK“ (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. B. Kilian, S. Pistrick, R. Schnee).

## Messen und Ausstellungen/Fairs and Exhibitions

### 2012

#### 20. bis 29. Januar 2012

Auf der Internationalen Grünen Woche in Berlin präsentierte das IPK die Ergebnisse aus dem BMBF-geförderten GABI-GRAIN-Projekt zu den Ursachen von Trockentoleranz in Sommergerste, die in der IZN-Nachwuchsgruppe Stress-Genomik weitergeführt werden (Dr. N. Sreenivasulu, R. Schnee).

#### 17. bis 20 April 2012

Mit zwei Exponaten aus der Arbeitsgruppe Hefegenetik war das IPK auf der Analytica in München vertreten. Es wurde das Sensorsystem für den Nachweis von Hormonen und der Nachweis von mykorrhizierten Pflanzen vorgestellt (Dr. K. Florschütz, Dr. M. Giersberg).

#### 19. bis 21. Juni 2012

Das Institut präsentierte sich auf den DLG-Feldtagen in Bernburg-Strenzfeld mit den Arbeiten zur trockenoleranten Gerste und mit dem Projekt zur Entwicklung von Hybridweizen (R. Schnee).

### 2013

#### 16. Mai 2013

Das Institut nahm an der **sciencemeetscompanies** teil, eine der größten Karrieremessen für Agrar- und Naturwissenschaften Mitteldeutschlands. Sie wurde im Biozentrum des Weinbergcampus in Halle/S. durchgeführt und von der *Studentischen Förderinitiative der Naturwissenschaften e.V.* organisiert (R. Schnee).

#### 18. bis 30. Mai 2013

Von der European Plant Science Organisation (EPSO) wurde zum zweiten Mal ein Fascination of Plants Day organisiert, an dem sich weltweit viele Forschungseinrichtungen, Behörden, Vereine, botanische Gärten u.ä. beteiligten. Auch unsere Einrichtung nahm die Gelegenheit wahr und stellte für den Zeitraum zwei Angebote zur Verfügung: Molecular Farming – Was ist das? und Live-Ansichten einer Phänotypisierungsanlage (Priv.-Doz. Dr. U. Conrad, R. Schnee).

#### 8. bis 10. Oktober 2013

Das IPK beteiligte sich an der BIOTECHNICA 2013 in Hannover. Es wurde durch zwei Mitarbeiter der Arbeitsgruppe Hefegenetik mit dem Exponat „Biosensoren als schnelles Nachweissystem in der Umweltanalytik und medizinischen Diagnostik“ auf dem Gemeinschaftsstand „Forschung für die Zukunft“ vertreten. Vorgestellt wurden entwickelte Hefe-basierte Sensorsysteme, die zum Beispiel hormonelle Belastungen im Abwasser, Urin und Blut nachweisen können (Dr. M. Giersberg, A. Chamas).

#### 13. November 2013

Das Institut nahm an der 5. Firmenkontaktmesse der Hochschule Anhalt in Köthen teil und präsentierte sich als Arbeitgeber. Das Angebot dieser Messe wurde von mehr als 500 Interessierten genutzt (F. Bischoff, L. Pasitka).

## Gremien und Mitarbeiter/-innen in speziellen Funktionen/ Boards of the IPK and Employees with Special Responsibilities

**Der Stiftungsrat** überwacht die Geschäftsführung des Direktoriums, überprüft die Wirtschaftsführung, genehmigt die Jahresrechnung und erteilt Entlastung für das jeweils abgelaufene Haushaltsjahr.

### Mitglieder des Stiftungsrates

**MinRat Thomas Reitmann**, MW LSA, Magdeburg, (Vorsitz),  
**Dr. Henk van Liempt**, BMBF, Bonn, (stellv. Vorsitz),  
**MinRat Friedel Cramer**, BMELV, Bonn, (bis Februar 2012),  
**MinRat Dr. Hermann Stürmer**, BMELV, Bonn, (seit März 2012),  
**Gisela Liepelt**, MW LSA, Magdeburg, (seit November 2012),  
**Prof. Dr. Birgit Dräger**, Halle/S.,  
**Prof. Dr. Lothar Willmitzer**, Potsdam-Golm,  
**Prof. Dr. Christian Jung**, Kiel (Vorsitz Wissenschaftlicher Beirat),  
**Prof. Dr. Ralph Bock**, Potsdam-Golm (stellv. Vorsitz Wissenschaftlicher Beirat),

**Das Direktorium** ist ein Kollegialorgan, zusammengesetzt aus den Leitern der wissenschaftlichen Abteilungen und dem Administrativen Leiter. Der Stiftungsrat bestellt einen der wissenschaftlichen Abteilungsleiter für drei Jahre zum Geschäftsführenden Direktor. Dieser bildet gemeinsam mit der Administrativen Leiterin die Geschäftsführung des IPK, die die Stiftung nach Maßgabe der Geschäftsordnung gerichtlich und außergerichtlich vertritt.

### Mitglieder des Direktoriums

**Prof. Dr. Andreas Graner**, Geschäftsführender Direktor und Leiter der Abteilung Genbank,  
**Sybille-Andrea Lorenz**, Administrative Leiterin und Leiterin der Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste,  
**Prof. Dr. Ingo Schubert**, Leiter der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse (bis Dezember 2012),  
**Prof. Dr. Jochen C. Reif**, Leiter der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse (seit Januar 2013),  
**Prof. Dr. Thomas Altmann**, Leiter der Abteilung Molekulare Genetik,  
**Prof. Dr. Nicolaus von Wirén**, Leiter der Abteilung Physiologie und Zellbiologie.

**Der Wissenschaftliche Beirat** berät den Stiftungsrat und das Direktorium in wissenschaftlichen und technischen Fragen. Er ist verantwortlich für die Bewertung der wissenschaftlich-technischen Arbeiten und fördert die Verbindung mit Einrichtungen des In- und Auslandes.

### Mitglieder des Wissenschaftlichen Beirates

**Prof. Dr. Christian Jung**, Kiel (Vorsitz),  
**Prof. Dr. Ralph Bock**, Potsdam-Golm (stellv. Vorsitz),  
**Dr. Rolf Appweiler**, Hinxtor (seit Dezember 2012),  
**Prof. Dr. George Coupland**, Köln,  
**Prof. Dr. Marcus Koch**, Heidelberg,  
**a.o. Univ. Prof. Dr. Josef Loidl**, Wien,  
**Dr. Michael Metzloff**, Leverkusen (seit Dezember 2012),  
**Dir. und Prof. Dr. Frank Ordon**, Quedlinburg (Vorsitz Genbank-Beirat seit September 2012),  
**Prof. Dr. Jerzy Paszkowski**, Genf (bis November 2013),  
**Prof. Dr. Dierk Scheel**, Halle/S.,  
**Prof. Dr. Dietmar Schomburg**, Braunschweig,  
**Prof. Dr. Chris-Carolin Schön**, München.

Der Wissenschaftliche Beirat hat als Unterausschuss einen **Genbank-Beirat**, der den Stiftungsrat und das Direktorium in Abstimmung mit dem Wissenschaftlichen Beirat in allen Fragen der Genbankarbeit berät.

### Mitglieder des Genbank-Beirates

**Dir. und Prof. Dr. Frank Ordon**, Quedlinburg (Vorsitz seit September 2012),  
**Prof. Dr. Heiko Becker**, Göttingen,  
**Dr. Bert Visser**, Wageningen,  
**Dr. habil. Hans Günter Welz**, Wolfenbüttel,  
**Prof. Dr. Sabine Zachgo**, Osnabrück.

### Mitglieder des IPK-Personalrates

**Thomas Kruse** (Vorsitzender),  
**Sibylle Pistrick** (1. Stellvertreterin),  
**Frank Schröder** (2. Stellvertreter),  
**Kathrin Gramel-Eikenroth**,  
**Steffen König**,  
**Melanie Ruff**,  
**Birgit Schäfer**,  
**Nicole Wahle**,  
**Evelin Willner**, Teilsammlungen Nord, Malchow/Poel,  
**Dagmar Böhmert** (Ersatzmitglied),  
**Ute Riedel** (Ersatzmitglied).

## Mitarbeiter/-innen des IPK in speziellen Funktionen

**Dr. Ulrike Lohwasser** (Qualitätsmanagement-Beauftragte),  
**Thomas Lüttge** (Qualitäts-Beauftragter für die Abteilung VZD),  
**Dr. Winfriede Weschke und Dr. Jochen Kumlehn**  
(Beauftragte für Biologische Sicherheit),  
**Dr. Hans-Peter Mock** (Beauftragter für Betäubungsmittel  
und Gefahrstoffe),  
**Prof. Dr. Andreas Graner** (Beauftragter für Strahlenschutz),  
**Dr. Helmut Bäumlein** (Ombudsmann),  
**Thorsten Uhl** (Beauftragter für Datenschutz),  
**Dr. Rhonda Meyer** (Gleichstellungsbeauftragte),  
**Manuel Ehret** (Fachkraft für Arbeitssicherheit),  
**Steffen König** (Schwerbehindertenbeauftragter),  
**Peter Schreiber** (Beauftragter für Havarie- und  
Katastrophenschutz),  
**Carmen Höpfner** (Beauftragte für Lehrausbildung).

## Mitglieder des Student Board

**Nicole Schmid** (Sprecherin)  
**Lydia Gersson**  
**Tiina Liiving**  
**Andreas Finke**  
**Stefan Heckmann**  
**Steffi Witter**  
**Katja Herrmann**  
**Jonathan Brassac**  
**Mathias Franke**  
**Martin Mau**  
**Torsten Gerlach**  
**Marco Pellino**

## Mitglieder des Postdoc Board

**Dr. Astrid Junker** (Vorsitzende)  
**Dr. Markus Kuhlmann** (stellvertr. Vorsitzender)  
**Dr. Fernando Arana-Ceballos**  
**Dr. Andrea Matros**  
**Dr. Daniela Nowara**  
**Dr. Ruslana Radchuk**  
**Dr. Götz Hensel**  
**Dr. Manuela Nagel**

# Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)

Corrensstraße 3  
 D-06466 Stadt Seeland/OT Gatersleben  
 Germany  
 Phone: +49 (0)39482 50  
 Fax: +49 (0)39482 5500  
 Email: info@ipk-gatersleben.de  
 Internet: http://www.ipk-gatersleben.de

As of 31 December 2013



**Governing Board**  
 (Ministry of Science and Economics, Saxony-Anhalt)  
 Dr. Henk van Lemp  
 Federal Ministry of Education and Research

**Scientific Advisory Board**  
 Chair:  
 Prof. Christian Jung

**Board of Directors**  
 Prof. Andreas Graner<sup>1)</sup>  
 Managing Director  
 Sybille-Andrea Lorenz<sup>1)</sup>  
 Administrative Director  
 Prof. Thomas Altmann  
 Prof. Jochen C. Reif  
 Prof. Nicolaus von Wieren

**Genebank Advisory Board**  
 Chair:  
 Prof. Frank Ordon

**Managing Office**  
 Roland Schnee

**Staff Council**  
 Chair: Thomas Kause

**Dept. Genebank**  
 Prof. Andreas Graner

**Dept. Cytoogenetics and Genome Analysis**  
 Prof. Jochen C. Reif

**Dept. Molecular Genetics**  
 Prof. Thomas Altmann

**Dept. Physiology and Cell Biology**  
 Prof. Nicolaus von Wieren

**Dept. Administration and Central Services**  
 Head: Sybille-Andrea Lorenz

## Programmes

**Characterisation and Documentation**  
 Prof. Andreas Graner

**Management and Evaluation**  
 Dr. Andreas Börner

**Taxonomy and Evolution**  
 Dr. Frank Bläther

**Statistical and Computational Genomics**  
 Prof. Jochen C. Reif

**Cytoogenetics**  
 Dr. Andreas Houben

**Functional Genome Analysis**  
 Dr. Patrick Schweizer

**Genome Diversity**  
 Prof. Andreas Graner  
 Dr. Nils Stein

**Resources Genetics and Reproduction**  
 Dr. Andreas Börner

**Experimental Taxonomy**  
 Dr. Frank Bläther

**Quantitative Genetics**  
 Prof. Jochen C. Reif

**Chromosome Structure and Function**  
 Dr. Andreas Houben

**Pathogen Stress Genomics**  
 Dr. Patrick Schweizer

**Heterosis**  
 Prof. Thomas Altmann

**Molecular Plant Nutrition**  
 Prof. Nicolaus von Wieren

**Personnel**  
 Wilma Klaassen-van Husem

**Genebank Documentation**  
 Dr. Helmut Klöpffer

**In vitro Storage and Cryopreservation**  
 Dr. Joachim Keller

**Apomixis**  
 Dr. Timothy F. Sharbel

**Gene and Genome Mapping**  
 Dr. Marion Röder

**Seed Development**  
 Dr. Winfriede Weschke

**Applied Biochemistry**  
 Dr. Hans-Peter Mock

**Genome Plasticity**  
 Dr. Renate Schmidt

**Structural Cell Biology**  
 Dr. Michael Meizer

**Finances**  
 Martina Liewald

**Plant Architecture**  
 Dr. Thorsten Schnurbusch

**Satellite Collections North**  
 Dr. Klaus Deinzer

**Gene Regulation**  
 Dr. Helmut Baumlein

**Phytoantibodies**  
 Dr. Udo Conrad

**Plant Reproductive Biology**  
 Dr. Jochen Kümlein

**Yeast Genetics**  
 Prof. Gotthard Kunze

**Hybrid Wheat**  
 (BMBF-funded Research Group)  
 Dr. Mario Gils

**Technology Transfer and Legal Matters**  
 Sybille-Andrea Lorenz

**Materials, Management and General Services**  
 Katrin Menzel

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Plant Bioinformatics**  
 Prof. Falk Schreiber

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

**Image Analysis**  
 (Junior Research Group)  
 Dr. Christian Klukas

Plant Genome Resources Centre (PGRC)  
 Bioinformatics

Coordinator: Dr. Patrick Schweizer  
 Coordinator: Prof. Falk Schreiber

<sup>1)</sup> Management  
<sup>\*</sup> Interdisciplinary Centre for Crop Plant Research  
 at Martin Luther University Halle-Wittenberg



LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENGENETIK UND  
KULTURPFLANZENFORSCHUNG (IPK)  
Stiftung des öffentlichen Rechts

Corrensstraße 3  
D-06466 Stadt Seeland, OT Gatersleben



Leibniz  
Gemeinschaft

