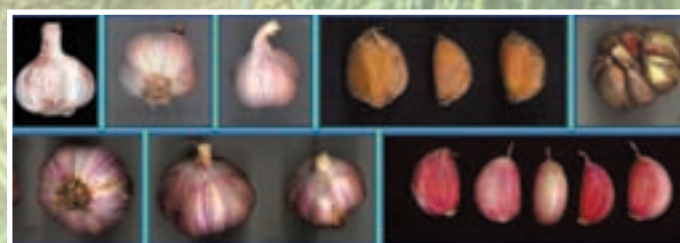
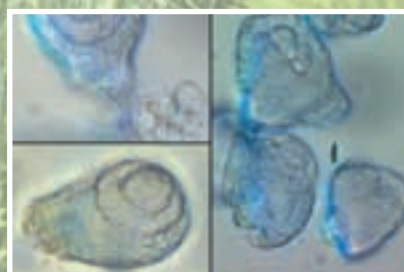
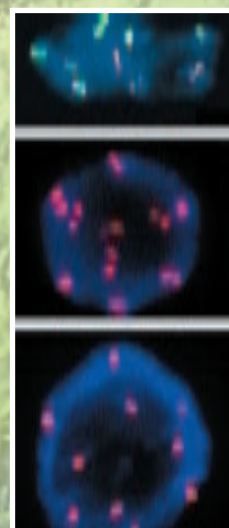
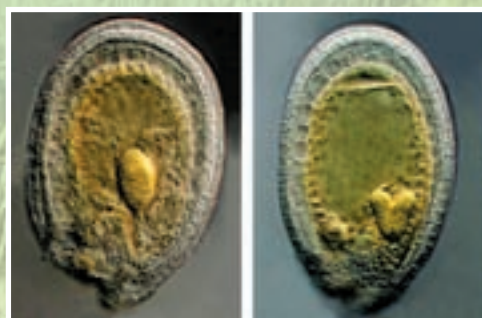


Jahresforschungsbericht 2006

Annual Report 2006





Leibniz-Institut für
Pflanzen-genetik und
Kulturpflanzenforschung

Jahresforschungsbericht 2006

Annual Report 2006

Gatersleben, Februar 2007

Herausgeber:

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)

Corrensstraße 3

D-06466 Gatersleben

Tel.: 039482-50

Telefax: 039482-5500

E-Mail: info@ipk-gatersleben.de

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

Geschäftsführender Direktor: Prof. Dr. Ulrich Wobus

Administrativer Leiter: Bernd Eise

Redaktion: Waltraud Mühlenberg (verantw.)

Gesamtherstellung: KOCH-DRUCK, Halberstadt/

SIGNA Graphic Design Atelier Fischer, Quedlinburg

| Inhaltsverzeichnis/Contents | Seite/Page |
|--|-------------------|
| Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)/The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) | 5 |
| Das Institut im Jahr 2006/The Institute in 2006 | 9 |
| Verwaltung und technische Infrastruktur/ Administration and Technical Infrastructure | 15 |
| Personal und Finanzierung der Stiftung/ Human Resources and Foundation Funding | 15 |
| Personal/Staff | 15 |
| Wirtschaftsplan 2006/Budget in 2006 | 16 |
| Drittmittel in 2006/Third Party Funding in 2006 | 16 |
| Gesamteinnahmen und -ausgaben 2006/ Total Revenues and Expenditure in 2006 | 17 |
| Kostenrechnung/Cost Calculation | 17 |
| Technologietransfer/Technology Transfer | 18 |
| Raum- und Geräteangebot, sonstige Infrastruktur/ Facilities, Equipment and Infrastructure | 19 |
| Baumaßnahmen/Construction Projects | 20 |
| Informationstechnologie/Information Technology | 21 |
| Neue Geräte im Jahr 2006/New Equipment in 2006 | 21 |
| Versuchsfeld und Gärtnerei/Experimental Fields and Nurserie | 21 |
| Wissenschaftliche Bibliothek/Scientific Library | 22 |
| Forschungsberichte der Abteilungen, des Pflanzengenom-Ressourcen-Centrums (PGRC) und des Bioinformatik-Centrums Gatersleben-Halle (BIC-GH)/Research Reports of the Departments, the Plant Genome Resources Centre (PGRC) and the Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH) | 23 |
| Abteilung Genbank/Department of Genebank | 23 |
| Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse/ Department of Cytogenetics and Genome Analysis | 54 |
| Abteilung Molekulare Genetik/Department of Molecular Genetics | 89 |
| Abteilung Molekulare Zellbiologie/Department of Molecular Cell Biology | 106 |
| Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)/ Plant Genome Resources Centre (PGRC) | 128 |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle (BIC-GH)/ Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH) | 130 |
| Kolloquien und Seminare/Colloquia and Seminars | 134 |
| Gatersleben Lectures/Gatersleben Lectures | 134 |
| Abteilungs-Seminare/Seminars of the Departments | 135 |
| Vavilov- und PGRC-Seminare/Vavilov- and PGRC-Seminars | 135 |
| Vavilov-Vortragsabende/Vavilov Evening Lectures | 136 |
| Genetische Seminare/Genetics Seminars | 137 |
| Zellbiologische Seminare/Cell Biology Seminars | 137 |
| Waterman-Seminare/Waterman Seminars | 138 |
| Wissenschaft trifft Wirtschaft/Science meets Business | 138 |
| Vorträge und Poster/Lectures and Posters | 139 |
| Eingeladene Vorträge auf internationalen Tagungen (Auswahl)/Invited Lectures at International Conferences (Selection) | 139 |
| Poster/Posters | 148 |
| Tagungen und Veranstaltungen im Institut/ Meetings and Conferences at the IPK | 157 |
| Beteiligung an der Organisation externer Veranstaltungen/Participation in Organising External Meetings | 159 |
| Ehrungen, Preise/Honours, Awards | 160 |
| Arbeitsaufenthalte von Gästen im IPK/ Guest Researchers at the IPK | 161 |
| Arbeitsaufenthalte von Wissenschaftlern in anderen Einrichtungen/Stays of IPK Researchers at Other Institutes | 165 |
| Lehrtätigkeit/Teaching | 166 |
| Mitarbeit an wissenschaftlichen Zeitschriften/ Editing Scientific Journals | 168 |
| Tätigkeit in Gremien/Activities in Boards | 169 |
| Öffentlichkeitsarbeit/Public Relations | 171 |
| Informationsveranstaltungen und Führungen/ Informative Events and Guided Tours | 171 |
| Schülerpraktika, Projektstage, Weiterbildungs- veranstaltungen/Practicals for School Students, Project Days, Seminars of Further Education | 175 |
| Pressemitteilungen/Press Releases | 176 |
| Beiträge in der Presse und den Medien/ Contributions in Press and Media | 176 |
| Messen und Ausstellungen/Fairs and Exhibitions | 178 |
| Übersicht Drittmittelprojekte/ Overview of Additional Funding | 180 |
| Gremien und Mitarbeiter/-innen in speziellen Funktionen/Boards of the IPK and Employees in Special Functions | 193 |
| Organigramm | 195 |
| Organisation of the Institute | 196 |

Das Leibniz-Institut für Pflanzen-genetik und Kulturpflanzen-forschung (IPK)

Aufgabenstellung und Finanzierung

Das IPK wurde auf der Grundlage von Vorgängereinrichtungen 1992 als eine Stiftung des öffentlichen Rechts gegründet. Es ist Mitglied der Leibniz-Gemeinschaft und firmiert seit Januar 2006 als Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung. Sein Zuwendungsbedarf wird 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 Kultusminister.

„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)

Stiftungsorgane, Funktionsträger und Organisationsstruktur des IPK

Organe der Stiftung sind der **Stiftungsrat**, das **Direktorium** und der **Wissenschaftliche Beirat** sowie als Unterausschuss des Wissenschaftlichen Beirates der **Genbank-Beirat**. Ein weiterer Beirat unterstützt das 2002 bis 2007 seitens des BMBF geförderte Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle mit drei Arbeitsgruppen am IPK.

Die personelle Zusammensetzung der Beiräte im Berichtsjahr ist in einer Übersicht auf S. 193 dargestellt. Die Übersicht führt zudem die IPK-Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter auf, die mit speziellen Funktionen innerhalb des IPK betraut waren und sind.

Das IPK ist seit Februar 2006 in nunmehr vier wissenschaftliche **Abteilungen** (Genbank, Cytogenetik und Genomanalyse, Molekulare Genetik, Molekulare Zellbiologie) und die Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste gegliedert. Innerhalb der Abteilungen bestehen relativ selbstständige Arbeitsgruppen (s. Organigramm, innere Umschlagseite), die durch Einwerbung von Drittmitteln ihre Personal- und Forschungsmittel-Ausstattung wesentlich erweitern (s. Drittmittelübersicht S. 180–192). Die Abteilungen 'Genbank' und

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

Objectives and Funding

The IPK was formally re-established in 1992 as a Public Law Foundation, continuing an unbroken tradition reaching back to the Kaiser-Wilhelm-Institute of Crop Plant Research, which was founded in 1943 near Vienna and moved to Gatersleben in 1945. As the IPK is a member of the Leibniz Association, its name was changed to the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research in January 2006. It is administered under the legal and administrative supervision of the State of Saxony-Anhalt, with half of its funding provided by the Saxony-Anhalt Ministry of Culture (along with contributions from other German States), and half by the Federal Ministry of Education and Research.

The Institute's statute states: *'The mission of the Foundation is the advancement of science and research. Its goals are to carry out basic and application-oriented research in the fields of plant genetics and crop plant research. Special emphasis is given to the generation of new knowledge on the structure, function and evolution of genetic material, on the preservation, research and use of the biodiversity of crop plants and their wild relatives, as well as contributions to applied genetics relevant to crop breeding. A major concern of the Foundation is to encourage interdisciplinary cooperation of the various biological disciplines in the Institute'*. (translated from the German original)

Boards, Staff with Functional Responsibilities and Organisational Structure of the IPK

The organisational bodies of the Foundation are the **Governing Council**, the **Board of Directors** and the **Scientific Advisory Board** with its special branch, the **Genebank Advisory Board**. An additional Scientific Board advises the Bioinformatics Centre (see below). Members of these bodies in 2006 are listed on p. 193. In addition, the list includes all IPK staff members with specific functional responsibilities.

The Institute has now been constituted into four scientific (Genebank, Cytogenetics and Genome Analysis, Molecular Genetics and Molecular Cell Biology), and one non-scientific (Administration and Central Services) department. Each scientific department is organised into a number of relatively independent research groups, whose activities are heavily dependent on attracting additional research funding from diverse national and international donors. The Genebank and Cytogenetics and Genome Analysis departments are further divided into, respectively, three and two Programs ('Bereiche'), each of which brings together sever-

'Cytogenetik und Genomanalyse' sind in drei bzw. zwei Bereiche untergliedert, die jeweils mehrere Arbeitsgruppen themengebunden zusammenfassen (s. Organigramm, innere Umschlagseite). Als abteilungsübergreifender Verbund mit spezieller Aufgabenstellung fungiert das **Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)**. Abteilungsübergreifende Funktionen im Bereich Bioinformatik erfüllen auch die drei am IPK angesiedelten Arbeitsgruppen des **Bioinformatik-Centrums Gatersleben-Halle (BIC-GH)** sowie die der Abteilung 'Cytogenetik und Genomanalyse' angegliederte Arbeitsgruppe Bioinformatik (s. S. 86).

Forschungskonzept

Mit der Einführung eines Programmbudgets und einer infolge der schnellen Wissenschaftsentwicklung notwendigen modifizierten strategischen Ausrichtung des IPK wurden in den Jahren 2003 bis 2005 neue strategische Akzente gesetzt und im Berichtsjahr vier Programmthemen wie folgt definiert:

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 Molekulare Zellbiologie).

Diese disziplinären Programmthemen, die weitgehend die sich komplementierenden zentralen Arbeitsfelder der Abteilungen widerspiegeln, werden in den einführenden Abteilungskapiteln näher spezifiziert.

Die genannten Forschungsfelder liefern zudem Beiträge zu drei großen Schwerpunkten gegenwärtiger Pflanzenforschung, die im Strategiekonzept des IPK wie folgt formuliert und den Gremien sowie der Evaluierungsgruppe vorgelegt wurden:

- (a) der **Diversitätsforschung**, die zunehmend die an Modellarten wie *Arabidopsis* gewonnenen Erkenntnisse nutzt, um die genetischen Grundlagen der enormen Vielfalt pflanzlicher Formen und Leistungen zu verstehen, gleichzeitig aber auch das Verständnis evolutiver Vorgänge fördert, um aus beiden Erkenntnissträngen Handlungsanweisungen für eine bessere Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen zu gewinnen;
- (b) der Forschung zur **Dynamik pflanzlicher Genome**, die das Bild von der Starrheit der Genome zunehmend ändert und insbesondere die Rolle epigenetischer (bedingt vererbbarer, nicht auf DNA-Sequenzebene wirkender) Prozesse erhellt, deren Kenntnis mehr und mehr praktische Bedeutung gewinnt und
- (c) der systembiologisch orientierten Forschung zur **integrativen Biologie pflanzlicher Leistungen**, die aus der Fülle der mit neuen Methoden gewonnenen Daten versucht,

al research groups according to their research areas (see the organisational schema on the inside back cover). The **Plant Genetic Resources Centre (PGRC)** fulfils tasks relevant to all departments. Similarly, the externally financed **Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH)**, with its three IPK-based research groups, is - together with the IPK-financed Bioinformatics Group - also relevant to all IPK departments.

Research Mission

With the implementation of 'Program Budgets' and a strategic research outline adapted to the rapid development of science, four major research directions were defined in the years 2003 till 2005. These largely mirror the major fields of interest of the four departments:

1. **Management, Analysis and Evolution of Plant Genetic Resources** (Genebank)
2. **Cyto-molecular Genome Analysis** (Cytogenetics and Genome Analysis)
3. **Molecular Physiology of Development** (Molecular Genetics)
4. **Applied Cell Biology** (Molecular Cell Biology).

Details are described in the relevant departmental reports.

The research fields contribute to three priority themes of contemporary plant research, as described in the strategic research agenda of the IPK as follows:

- (a) **Crop Plant Diversity**, which is increasingly using knowledge gained from model plants such as *Arabidopsis thaliana* and rice, to understand the genetic basis of the diversity of plant form and function and its evolutionary origin. This knowledge can translate into improved ways to use plant genetic resources;
- (b) **Dynamics of Plant Genomes**, which is increasingly challenging the conventional static picture of the genome and is leading to a realization of the importance of epigenetic processes. This knowledge is becoming of increasing practical significance;
- (c) **Integrative Biology of Plant Performance**, which strives to generate a holistic understanding of plants based on multi-disciplinary investigation, incorporating a strong component of bioinformatics with a long-term goal of process modelling, i.e. pursuing a systems biology approach.

Although the major focus is on crop plants, model plants such as *Arabidopsis thaliana* are also being exploited by several research groups, while two groups exploit non-plant organisms: yeast in the department of Molecular Cell Biology, and mammalian stem cells in the department of Cytogenetics and Genome Analysis. Flowing from an important strategic decision and the major commitment of many IPK researchers, barley is being strongly developed as the direct

systematische Zusammenhänge zu entwickeln, diese längerfristig zu modellieren und daraus ein neues Verständnis des komplexen Systems Pflanze zu gewinnen.

Im Zentrum der Arbeiten stehen Kulturpflanzen, doch arbeiten einige Gruppen auch mit der Modellpflanze *Arabidopsis* und nicht-pflanzlichen Organismen, wie zum Beispiel mit Hefe in der Abteilung Molekulare Zellbiologie und mit Säugerstammzellen in der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse. Als Resultat strategischer Überlegungen und eines koordinierten Engagements vieler Forscher am IPK wird die Gerste als direktes Modell für die Triticeae-Getreide entwickelt. Dies führte in den vergangenen Jahren zu einer beträchtlichen Anzahl an Projekten zur Genetik und Genomstruktur/-funktion der Gerste mit vielen wichtigen Erkenntnissen. Hervorzuheben ist in diesem Zusammenhang die Option, Resultate der Gerste direkt auf den Weizen übertragen zu können, eine der weltweit wichtigsten Kulturpflanzen.

Integrative Strukturen

Das 1997 gegründete **Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)** bildet weiterhin die integrierte Forschungs- und Dienstleistungsplattform für die Genomforschung, insbesondere an Gerste.

Das 2003 gegründete **Europäische Genomforschungs-Netzwerk Gerste (BarleyGenomeNet – BGN)** mit dem IPK als Partner wurde 2006 um drei neue Mitglieder erweitert: die "Royal Veterinary and Agricultural University" in Kopenhagen, Dänemark, das "Agricultural Research Council, Experimental Institute for Cereal Research" in Fiorenzuola d'Arda, Italien, und die "MTT Agrifood Research & University of Helsinki" in Finnland. Die "University of Dundee" in Schottland wird dem Netzwerk im Verlauf des Jahres 2007 als achtes Mitglied beitreten. BarleyGenomeNet-Partner haben im Frühling 2006 gemeinsam zwei Projektanträge im Rahmen der ERA-PG (European Research Area-Plant Genomics)-Ausschreibung eingereicht. Diese werden höchstwahrscheinlich gefördert. Die Webpräsentation des Netzwerkes (www.barley.net.org) wurde aktualisiert und stellt den Rahmen für die Außendarstellung, vor allem der Forschungskooperationen und Resultate.

Im Spätsommer wurde auf Initiative des IPK das "**International Barley Sequencing Consortium**" (IBSC, <http://barleygenome.org>) gegründet und ein "Memorandum of Understanding" zu den Zielen des IBSC von den acht Gründerinstitutionen unterzeichnet. Ein Whitepaper "A Coordinated Strategy for Sequence Analysis of the Barley Genome (*Hordeum vulgare*)" wurde erarbeitet, das einen detaillierten Aktionsplan auf dem Wege zur Gerste-Genomsequenz darlegt.

Eine leistungsfähige Bioinformatik-Plattform wird wissenschaftlich wesentlich getragen durch die drei Arbeitsgrup-

pen für die Triticeae cereals, which include, in addition to barley, both wheat and rye. This has led, in recent years, to a large number of projects in the area of barley genetics and genomics, and these are seen to be paving the way to important discoveries. The expectation is that many of these will be readily transferable to wheat, one of the most important food crops on the planet.

Integrative Structures and Networks

The **Plant Genome Resources Centre (PGRC)**, established in 1997, provides an integrated research and service platform for genome research, with special emphasis on barley.

The **European Barley Genomic Research Network (BarleyGenomeNet, BGN)** was founded in 2003, and was recently joined by three new members, the Royal Veterinary and Agricultural University of Copenhagen, Denmark, the Agricultural Research Council, Experimental Institute for Cereal Research in Fiorenzuola d'Arda, Italy and the MTT Agrifood Research & University of Helsinki, Finland. The University of Dundee, Scotland, will join in 2007. BGN partners have prepared and submitted two research proposals to the ERA-PG (European Research Area - Plant Genomics) programme, both of which have a high chance of being selected for funding. The internet presence of the network (www.barley.net.org) has been updated, and describes research co-operations as well as research results.

In late summer 2006, IPK scientists initiated the **International Barley Sequencing Consortium (IBSC)**, (<http://barleygenome.org>), and the eight founding members signed a 'Memorandum of Understanding' which formulated its goals. A discussion paper 'A Coordinated Strategy for Sequence Analysis of the Barley Genome (*Hordeum vulgare*)' articulates a detailed action plan for the acquisition of the full sequence of the barley genome.

Three research groups, originating from the BIG-GH, the core-funded Bioinformatics group of the PGRC, a genebank-specific externally-financed bioinformatics project group, which was closed in February 2006, and other genebank-associated colleagues working on bioinformatics problems, together have established an effective **bioinformatics** platform for the Institute.

PlantMetaNet is a research network, which includes two Leibniz institutes (IPB at Halle and IPK) and the two Max Planck Institutes (Golm MPI-MPP) and Jena MPI-CE). In 2006, PlantMetaNet provided the organisational framework for the summer school 'Plant Genomics and Bioinformatics (Special Focus: Metabolite Profiling and Data Analyses)', which took place at the MPI-MPP from September 20 to 29 in the frame of the ERA-NET Plant Genomics educational programme ETNA.

pen des **Bioinformatik-Centrums Gatersleben-Halle**, ergänzt durch die PGRC-Bioinformatikgruppe, ein genbankspezifisches BMBF-gefördertes Bioinformatik-Projekt, das im Frühjahr 2006 auslief, sowie weitere an genbankspezifischen Fragestellungen arbeitende Kollegen.

Ein weiterer loser Verbund ist das Forschungsnetzwerk **PlantMetaNet**, dem die Leibniz-Institute IPK und IPB, Halle, sowie die Max-Planck-Institute in Golm und Jena angehören. 2006 bildete PlantMetaNet die interne Organisationsplattform für die Sommer-Schule Plant Genomics and Bioinformatics (Special Focus: Metabolite Profiling and Data Analyses), die im Rahmen des Ausbildungsprogramms ETNA des ERA-NET Plant Genomics vom 20. bis 29. September am MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm ausgerichtet wurde.

Ergänzend zu den genannten Plattformen und Verbänden gibt es ein umfangreiches Netzwerk von nationalen und internationalen Verbundprojekten, sowie arbeitsgruppen- und abteilungsübergreifenden IPK-internen Projekt-Kooperationen (s. dazu die Abschnitte "Collaboration" in den Berichten der Arbeitsgruppen).

In addition to the platforms and networks mentioned above, there is an extensive network of collaborations within the institute across research groups and departments. In addition, numerous national and international co-operations are being maintained, as detailed in the individual reports of the research groups under the heading 'Collaborations'.

Das Institut im Jahr 2006

2006 war ein Jahr kontinuierlicher Forschungsarbeit und fortgesetzter Bautätigkeit. Herausragende Ereignisse und Entwicklungen werden im Folgenden kurz dargestellt. Ergebnisse der wissenschaftlichen Arbeit sind in den Berichten der Abteilungen und Querschnittseinrichtungen niedergelegt.

Entwicklungen von zentraler Bedeutung

(1) Das Jahr 2006 begann unter dem erweiterten Namen **Leibniz-Institut** für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, flankiert durch ein angepasstes Logo.

(2) Mitte Juni wurde offiziell mit den Arbeiten im Projekt „**Entwicklung einer physischen Karte für das Gerstengenom**“, finanziert im Rahmen des Paktes für Forschung und Innovation bei der Leibniz-Gemeinschaft, begonnen. Dieses Projekt wird als Kooperation mit dem Australian Centre of Plant Functional Genomics (ACPGF) und dem Munich Information Centre of Protein Sequences (MIPS) durchgeführt. Im Rahmen dieser Kooperation stellte das ACPFG eine neue BAC-Bibliothek des Gerste-Genotyps Morex zur Verfügung, die für die Erstellung der Contig-Karte mittels High-Information Content Fingerprinting (HICF) am IPK eingesetzt wird.

Mit der Befürwortung des Antrages zur Finanzierung eines **Apomixis-Verbundprojektes**, ebenfalls im Wettbewerbsverfahren der Leibniz-Gemeinschaft, konnten zusätzliche Haushaltsmittel für ein weiteres Schwerpunktprojekt des Instituts eingeworben werden.

Die Ergebnisse der Arbeit am Deutsch-Ungarischen Projekt **“PlantResource”** wurden im Dezember auf einem Workshop am IPK diskutiert und die Weiterführung beraten. Ferner wurden neben der Weiterführung der BMBF-geförderten GABI-II-Projekte eine Reihe von Forschungsanträgen für das anschließende **GABI FUTURE-Programm** und im Rahmen von **European Research Area – Plant Genomics (ERA-PG)** erarbeitet und eingereicht.

(3) Nach mehrjähriger Projektarbeit konnte im Dezember während einer zweitägigen Veranstaltung **das neue Informationssystem der Genbank GBIS** einer breiten Öffentlichkeit vorgestellt werden. Dieses System stellt die Genbankarbeit auf eine neue Basis und vermittelt auch dem externen Nutzer über das weltweite Netz (<http://gbis.ipk-gatersleben.de>) wesentlich umfangreichere Informationen. Auch das Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle (BIC-GH) hat im Ergebnis seiner Arbeit im März des Jahres das **Plant Bioinformatics Portal** (<http://www.bic-ghg.de>) freigeschaltet. Es erlaubt den Zugriff auf umfangreiche Daten, Daten-

The Institute in 2006

2006 was a year of continued research and ongoing building activity. Important developments, and significant events are briefly summarised below. Details of the research activity are described in the reports of the individual departments and inter-departmental structures.

Developments of General Importance

(1) From the beginning of 2006, the Institute's name became **'Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research'** and the corporate logo was adapted accordingly.

(2) In 2005, the Leibniz Association selected for funding a research programme aimed at the development of a **physical map of the barley genome**. Experimental work was started in June 2006 in co-operation with the Australian Centre for Plant Functional Genomics (ACPGF) and the Munich Information Centre of Protein Sequences (MIPS). ACPGF provided a new BAC library made from the barley variety Morex, and this is used at IPK to form a contig map using high-information content fingerprinting.

In addition, the Leibniz Association supported a second high priority interdepartmental research programme focusing on **apomixis**.

Members of **'PlantResource'**, an integrated German-Hungarian project, reported their results in a workshop in early December and discussed the possibilities for the continuation of the project work. In addition, work on the BMBF-funded GABI projects was continued, and a number of new proposals for the follow-up programme **GABI FUTURE** and the **European Research Area – Plant Genomics (ERA-PG)** programme were agreed and submitted.

(3) Over the past years a new **Genebank Information System (GBIS)** has been established. The system was introduced to the public at a meeting at IPK in December. GBIS provides a new basis for internal genebank operations, and offers much information and several tools to external users via the internet (<http://gbis.ipk-gatersleben.de>). A second important web platform, the **Plant Bioinformatics Portal** (<http://www.bic-ghg.de>), is now accessible worldwide. This provides access to numerous data bases, bioinformatic tools and links (for more information see p. 130).

(4) In November 2006, IPK obtained permission to carry out **field tests with transgenic winter wheat plants**. This field trial attracted much public attention. The established transgenic plant-breeding nursery will allow for the assessment

verarbeitungswerkzeuge und Verknüpfungen (Näheres s. S. 130).

(4) Breites öffentliches Interesse hat der **Freilandversuch mit gentechnisch verändertem Winterweizen** im Institutsgelände gefunden. Er dient der Testung eines transgenen Zuchtgartens im Freiland und wird wichtige Daten über das Verhalten von Transgenen in unterschiedlichen genetischen Hintergründen liefern (s. auch S. 94).

(5) Ein weiterer Schritt im Rahmen unseres Gebäude-Sanierungsprogramms war der Komplettabriss des Hauses „Physik“ und sein schneller Wiederaufbau in alter Form, aber mit neuer Funktion als Bibliothek, deren Eröffnung für das Frühjahr 2007 geplant ist.

Kurzinformationen zur Weiterentwicklung des Campus Gatersleben insgesamt finden sich auf Seite 14.

Abschließend sei wie in den Vorjahren hervorgehoben, dass das IPK als große Wissenschaftseinrichtung des Landes Sachsen-Anhalt und als Teil des Biotechnologiestandortes Gatersleben neben den dominierenden Forschungsarbeiten noch vielfache weitere Aufgaben zu erfüllen hat:

- Technologietransfer und Förderung von Ausgründungen sowie Firmenansiedlungen am Standort (s. S. 18),
- Zusammenarbeit mit Unternehmen der Wirtschaft bei gleichzeitiger Wahrung der IPK-Interessen, definiert durch die Stiftungssatzung,
- Bemühungen zur Verbesserung der regionalen Infrastruktur und Verbesserung der Lebensbedingungen für die Mitarbeiter/-innen,
- Mitarbeit an Aus- und Weiterbildungsmaßnahmen. Daneben hat das IPK Schüler/-innen Gelegenheit zu mehrtägigen Praktika gegeben (s. S. 175).
- Öffentlichkeitsarbeit und verstärkter Meinungs austausch mit Politiker/-innen (s. S. 171).

Organisatorische Veränderungen

Im Jahre 2006 wurde die Abteilung Cytogenetik in die Bereiche Cytogenetik und Genomanalyse gegliedert, die Abteilung entsprechend in „Cytogenetik und Genomanalyse“ umbenannt und zwei Arbeitsgruppen der Abteilung Molekulare Genetik dem neuen Bereich Genomanalyse der Abteilung Cytogenetik zugeordnet (s. S. 56). Die Berufungsverfahren für die Positionen Leiter/-in der Abteilung Molekulare Zellbiologie und Molekulare Genetik sowie Pflanzliche Bioinformatik haben noch nicht zu abschließenden Entscheidungen geführt.

Die Arbeit der Gremien

Wissenschaftlicher Beirat und Genbank-Beirat besuchten das IPK erstmals gemeinsam vom 9. bis 11. Oktober und nahmen am Institutstag am 10. Oktober teil. Die entspre-

of the expression of three transgene constructs in various genetic backgrounds in plants raised under field conditions.

(5) A further step forward in the reconstruction of the Institution was the complete demolition and rebuilding of the old Physics Building, which housed, among other things, the electron microscopy facility. The new building will house the Institute's library, with a projected start of operation in spring 2007.

Further details of the development of the Gatersleben campus outside IPK can be found on page 14.

Finally, it should be emphasised that IPK, as one of the largest research facilities in Saxony-Anhalt and at the same time part of the Gatersleben Biotech campus, has responsibilities beyond its research mandate. These include activities to:

- Transfer technology and promote biotech start-ups and/or recruitment of companies to the campus;
- Co-operate with companies within the framework laid down by the IPK statute;
- Further improve both the local infrastructure and the living conditions of IPK employees;
- Take part in educational activities;
- Publicise the work of the Institute and promote dialogue with local and national politicians.

Some of these activities are briefly alluded to later in the report.

Organisational Changes

During 2006, the former Department of Cytogenetics was restructured into two programs ('Bereiche') 'Cytogenetics' and 'Genome Analysis'. As a result, the department was renamed 'Cytogenetics and Genome Analysis'. Two of the research groups formerly belonging to the Department of Molecular Genetics were reassigned to the Genome Analysis Programme (see also p. 56). The recruitment process for new heads of the departments of Molecular Cell Biology and Molecular Genetics, as well as for a professor of plant bioinformatics are yet to be finalised.

Board Meetings

The **Scientific Advisory Board** and the **Genebank Advisory Board** jointly visited the Institute for the first time between October 9 and 11, and took part in the Institute's Day on October 10. Their formal meetings took place on October 11 and 9, respectively. The Scientific Advisory Board concentrated their assessment on the 'Cytogenetics and Genome Analysis' and 'Genebank' departments. Publication records and the winning of external funding were both judged to be of a high level. The Genebank Advisory Board paid special attention to the process of ISO certification (certificati-

chenden Beiratssitzungen fanden am 9. bzw. 11. Oktober statt. In seiner Begutachtungsarbeit konzentrierte sich der Wissenschaftliche Beirat auf die Abteilungen Cytogenetik und Genomanalyse und Genbank. Der Publikationstätigkeit und Drittmitteleinwerbung wurde ein hohes Niveau bescheinigt. Der Genbank-Beirat widmete besonderes Interesse Fragen der ISO-Zertifizierung der Genbank.

Der **Stiftungsrat** tagte 2006 bereits am 13. Oktober unter Leitung seines Vorsitzenden, MinDirig Dr. Joachim Welz. Schwerpunkte der Beratung waren die laufenden Berungsverfahren und die Bestellung eines Geschäftsführenden Direktors in der Nachfolge von Prof. Ulrich Wobus. Als Geschäftsführender Direktor für den Zeitraum 1. April 2007 bis 31. März 2010 wurde Prof. Andreas Graner, Leiter der Abteilung Genbank, bestimmt. Die Leitung der Abteilung Molekulare Genetik wird von Prof. Ulrich Wobus bis zum Tätigkeitsbeginn eines Nachfolgers, längstens aber bis zum 31. Dezember 2007, wahrgenommen.

Symposien und Tagungen

Im Berichtszeitraum wurden neun größere wissenschaftliche Veranstaltungen durchgeführt (s. S. 157). Besonders hervorzuheben sind die **"2nd IPK Student Conference"** vom 29. Mai bis 1. Juni im IPK, der erstmalig veranstaltete **"International GABI-TILL Workshop"** am 19. Juni, das **„Gaterslebener Gespräch“** zum Thema „Risikokommunikation – Wahrnehmung und Bewältigung von Risiken“ am 10./11. August, gleichzeitig Teil der Sommerakademie der Evangelischen Akademie Wittenberg, sowie das **Abschlusskolloquium** für das vom BMBF/BMELV geförderte **Projekt „Genbankfusion“** zum Thema „Zwischen Tradition und Fortschritt – die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben“, welches am 14./15. Dezember stattfand.

Ausbildung, Zusammenarbeit mit Universitäten und das IPK-Doktorandenprogramm

Die umfangreiche Lehrtätigkeit der vergangenen Jahre wurde fortgeführt. Mitarbeiter/-innen des IPK lehrten an folgenden Universitäten: Halle-Wittenberg, Potsdam, Kassel, Hannover, Jena, Magdeburg, Dortmund, Greifswald sowie an der Hochschule Anhalt in Köthen und Bernburg. Daneben wurden Vorlesungen, Kurse und Praktika für Studenten auch direkt am IPK durchgeführt. Zudem wurden Diplom- und Promotionsarbeiten betreut. Über abgeschlossene Promotions- und Diplomarbeiten wird in den Berichten der Arbeitsgruppen informiert.

Der Fortbildung von am IPK arbeitenden Doktorand(en)/-innen dienen das speziell entwickelte, in englischer Sprache durchgeführte Doktorandenprogramm sowie eine spezielle Promotionsrichtlinie.

Die eigenständige Arbeit der Doktoranden und Studenten ist unter der Leitung des 'student board' intensiv weitergeführt worden. Höhepunkt dieser Arbeit war die **"2nd IPK**

on of conformity with the requirements of ISO 19011) of the Genebank, initiated in 2006.

The Governing Council, at its meeting on October 13, discussed particularly the ongoing appointment procedures (see above). Most importantly, Prof. Andreas Graner was appointed as Acting IPK Director from April 1, 2007 until March 31, 2010. Prof. Ulrich Wobus remains the head of the department of Molecular Genetics until December 31, 2007, or until a new head is installed.

Scientific Symposia and Meetings

Nine scientific meetings of general relevance were organised during 2006 (for a complete listing see p. 157). The major events were the **'2nd IPK Student Conference'** (May 29 to June 1), the first **'International GABI-TILL Workshop'** (June 19) the **'Gaterslebener Gespräch' (Gatersleben Talk)** (August 10 to 11) centred on risk communication – perception and coping with risks, and the **final meeting of the project to establish the Federal *ex situ* genebank at IPK and to launch the GBIS genebank system** (December 14 to 15).

Cooperation with Universities and the IPK PhD-Program

As in previous years. IPK scientists have been involved in a range of teaching activities at the Universities of Halle-Wittenberg, Potsdam, Kassel, Hannover, Jena, Magdeburg, Dortmund and Greifswald, and at the Hochschule (colleges) Anhalt in Köthen and Bernburg. The IPK PhD programme consists of a dedicated teaching programme conducted in English with PhD guidelines. The student board, initiated and elected by the students, organised seminars, journal club discussions and – as a special highlight – the **'2nd IPK Student Conference'**. Furthermore, the students' website (<http://students.ipk-gatersleben.de>) has been developed further and a flyer aimed at newcomers, covering important facts about and contacts within the Institute, the municipality and the region, has been produced.

Public Relations and Public Events

During 2006, IPK publicised its research results in 212 written and numerous oral contributions and posters, presented at meetings and conferences. Nine press reports were also released (see also p. 176).

The public relations work of IPK centred around an intensive dialogue with the media, politicians and the public. A large number of visitors from all sectors of society visited the Institute, including politicians, staff of scientific institutions, representatives of trade and industry, members of various organisations, school classes and interested members of the public from Germany and overseas. A particular

Student Conference“ (s. S. 11). Ferner wurden Gastsprecher für „Gatersleben Lectures“ eingeladen, PhD-Seminare und 'Journal Club'-Diskussionen organisiert und die eigenständige Website (<http://students.ipk-gatersleben.de>) aktualisiert. Ein 'student board flyer' enthält alle für neu eingestellte Mitarbeiter/-innen wichtigen Daten und Adressen aus Institut, Gemeinde und Umgebung.

Öffentlichkeitsarbeit und öffentliche Wirkung

Das IPK hat im Berichtszeitraum seine Arbeitsergebnisse der wissenschaftlichen Öffentlichkeit im Rahmen von 212 Veröffentlichungen (Originalarbeiten, Übersichtsarbeiten, Bücher, Dissertationen, Datenbanken und Internetauftritte) sowie in Vorträgen und Postern auf Fachtagungen vorgestellt. Ferner wurden im Berichtszeitraum 9 Pressemitteilungen herausgegeben (s. auch S. 176).

Der intensive **Dialog mit Medien, Politik, Kultur und der allgemeinen Öffentlichkeit** wurde erfolgreich fortgesetzt. Ausdruck dessen ist die hohe Zahl der empfangenen Besucher (s. S. 171). Höhepunkt war der Besuch des Kultusministers des Landes Sachsen-Anhalt, Prof. Jan-Hendrik Olbertz, anlässlich des „Gaterslebener Gesprächs“ am 11. August 2006 (s. Figs. 1 und 2).

Am 3. November konnte Frau Prof. Anna Wobus während eines **Leibniz-Forums in Magdeburg** dem Ministerpräsidenten des Landes, Prof. Wolfgang Böhmer, die am IPK durchgeführten Arbeiten an Säuger-Stammzellen erläutern und ethische Probleme der Stammzellforschung diskutieren (s. Figs. 3 und 4, S. 13).

Besonderes Interesse bei den Besuchern fanden die Felder der Genbank und der gemeinsam von der Abteilung Genbank und der Arbeitsgruppe Versuchsfeld und Gärtnerei eingerichtete **Schaugarten**, der beispielhaft die vom Men-



Fig. 1: Der Kultusminister, Prof. Jan-Hendrik Olbertz (r.), im Gespräch mit Prof. Ulrich Wobus und Prof. Anna M. Wobus (Foto: H. Ernst).
The Minister of Culture Prof. Jan-Hendrik Olbertz (right) in conversation with Prof. Ulrich Wobus and Prof. Anna M. Wobus.

highlight was the August 11 visit of Prof. Jan-Hendrik Olbertz, the Saxony-Anhalt Minister of Education and Cultural Affairs, in the capacity of active participant in the 'Gaterslebener Gespräch' (see Figs. 1 and 2).

On November 3, during a Leibniz-Conference at Magdeburg, Prof. Anna Wobus had a chance to explain the Prime Minister of Saxony-Anhalt, Prof. Wolfgang Böhmer, the results of mammalian stem cell research carried out at IPK and to discuss ethical problems of the field (see Figs. 3 and 4, p. 13).

Many visitors expressed an interest in the genebank fields and the special display garden highlighting the evolution of crop plants.

To intensify the dialogue with industry, a new seminar se-



Fig. 2: Teilnehmer der Podiumsdiskussion zum Thema „Risikowahrnehmung und Risikobewältigung im interdisziplinären Dialog“ v. r. n. l.: Kultusminister Prof. Jan-Hendrik Olbertz, Prof. Randolph Menzel, Prof. Inge Broer, Dr. Christof Tannert, Dr. Anja Matzk, Dr. Thorsten Moos, Prof. Anna M. Wobus sowie Manfred Jendryschik (Foto: H. Ernst).
Participants in the panel discussion "Risk Perception and Risk Management in Interdisciplinary Dialogue", from left to right: Minister of Culture Prof. Jan-Hendrik Olbertz, Prof. Randolph Menzel, Prof. Inge Broer, Dr. Christof Tannert, Dr. Anja Matzk, Dr. Thorsten Moos, Prof. Anna M. Wobus and Manfred Jendryschik.

schen getriebene Evolution von Kulturpflanzen demonstriert.

Zur Intensivierung des Dialogs mit den am Standort angesiedelten Firmen hat das IPK im Mai die neue Seminarreihe „Wissenschaft trifft Wirtschaft“ initiiert. Inzwischen haben drei Veranstaltungen stattgefunden, die sich eines sehr großen Interesses erfreut haben (s. auch S. 138).

Der auch in diesem Jahr sehr gut besuchte **Tag der offenen Tür**, verbunden mit dem 3. Fest der Begegnung, fand am 17. Juni statt und wurde wiederum gemeinsam mit den am Standort ansässigen Unternehmen, dem Biotech-Gründerzentrum und dem Netzwerk InnoPlanta e. V. durchgeführt. Das Fest der Begegnung erhielt zudem Unterstützung von der Gemeinde Gatersleben, der Sparkasse Aschersleben-Staßfurt und den Gaterslebener Firmen Orgentis Chemicals und TraitGenetics. Am Standort Malchow wurde der Tag der offenen Tür am 13. Mai 2006 unter Beteiligung von etwa 150 Gästen durchgeführt.

Das IPK präsentierte ausgewählte Forschungsergebnisse im Rahmen der **BIO 2006**, die vom 9. bis 12. April 2006 in Chicago stattfand. Anlässlich der **ANALYTICA 2006** (25. bis 28. April 2006, München) beteiligten wir uns am Gemeinschaftsstand „Forschung für die Zukunft“ der Länder Sachsen-Anhalt, Sachsen und Thüringen mit dem Exponat „DNA-Sensoren zum Nachweis von Mykorrhiza-Pilzen in Pflanzen“. Auf Einladung der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg nahm das IPK mit sechs Exponaten und einer Videopräsentation am 14. Juli 2006 erfolgreich an der „Langen Nacht der Wissenschaften“ teil, die zusammen mit dem 10. Sachsen-Anhalt-Tag in Halle durchgeführt wurde. Das IPK beteiligte sich außerdem am 9. September 2006 mit zwei Postern und einer Video-Vorführung an der vom Netzwerk InnoPlanta e. V. organisierten Präsentation anlässlich der **Landesgartenschau in Wernigerode**.

Zur Förderung des Informationsflusses innerhalb des Instituts sind im Berichtszeitraum zwei Hefte des seit 1992 herausgegebenen IPK-Journals erschienen. Außerdem wurde das lokale Rechnernetz zur internen Verbreitung von Informationen genutzt.

Am 26. September wurde der Campus Gatersleben im Rahmen des Wettbewerbs „365 Tage Land der Ideen“ als „**Ort der Ideen**“ ausgezeichnet. Die Bewerbung war von der Initiative „Green Gate Gatersleben“ ausgegangen, einer Aktivität aller ortsansässigen Biotech-bezogenen Firmen und Einrichtungen. Im Rahmen der Festveranstaltung wurde dem Göttinger Agrarbiologen Dr. Stefan Abel der gemeinsam von der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e. V. und dem IPK im Zweijahresrhythmus vergebene **Gaterslebener Forschungspreis** (s. Fig. 5, S. 14) verliehen. 2006 bestritt die Sparkassenstiftung Aschersleben-Staßfurt die Hälfte des Preisgeldes. Die nachmittägliche, von der Leitung des Bioparks organisierte Podiumsdiskussion zu den ethischen Herausforderungen der Pflanzenbiotechnologie stieß angesichts der anhaltenden



Fig. 3: Prof. Anna M. Wobus erläutert Sachsen-Anhalts Ministerpräsident Prof. Wolfgang Böhmer (vorn: 2. v. r.), Kultusminister Prof. Jan-Hendrik Olbertz (hinten: 2. v. r.), Leibniz-Präsident Prof. Ernst Rietschel (vorn: 1. v. r.) und Magdeburgs Oberbürgermeister Dr. Lutz Trümper (hinten: r.) aktuelle Forschungsergebnisse (Foto: U. Lücke).

Prof. Anna M. Wobus explains current research results to the Prime Minister of Saxony-Anhalt Prof. Wolfgang Böhmer (front: 2nd from right), Minister of Culture Prof. Jan-Hendrik Olbertz (back: 2nd from right), Leibniz-President Prof. Ernst Rietschel (front: 1st from right) and the Mayor of Magdeburg Dr. Lutz Trümper (back: right).



Fig. 4: Rege Diskussion während des Leibniz-Forums in Magdeburg (v. l. n. r.: Prof. Henning Scheich, Prof. Anna M. Wobus, Prof. Jan-Hendrik Olbertz, Dr. Carsten Könneker, Prof. Ekkehard Nuissl von Rein sowie Prof. Eckart D. Gundelfinger) (Foto: F. Schröder).

Lively discussion at the Leibniz Forum in Magdeburg (from left to right: Prof. Henning Scheich, Prof. Anna M. Wobus, Prof. Jan-Hendrik Olbertz, Dr. Carsten Könneker, Prof. Ekkehard Nuissl von Rein and Prof. Eckart D. Gundelfinger).

ries entitled ‘Science meets Business’ was initiated (see p. 138). The three seminars held in 2006 attracted strong interest from staff on the campus and beyond.

The ‘**Open Door Day**’ (June 17) was once again organised as a joint event by IPK, campus companies, the Biotech start-up Centre and the InnoPlanta network, and was combined with the 3rd ‘Meet-One-Another’ festival arranged by IPK and supported by the local authorities, the Aschersleben-Staßfurt savings bank and the Gatersleben companies Orgentis Chemicals and Trait Genetics. The IPK External Branch ‘North’ organised its ‘Open Door Day’ at the Malchow site on May 13 and attracted around 150 guests.



Fig. 5: Der Agraringenieur Dr. Stefan Abel von der Georg-August-Universität in Göttingen erhielt am 26. September den Gaterslebener Forschungspreis 2006 (Foto: B. Schäfer).

On 26 September, the agricultural engineer Dr. Stefan Abel (Georg August University, Goettingen) received the 2006 Gatersleben.

Diskussionen um die Grüne Gentechnik auf lebhaftes Interesse.

Die Mitarbeit in den Arbeitskreisen „Öffentlichkeitsarbeit“ der Leibniz-Gemeinschaft, „Messen“ beim Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt sowie „Standortkommunikation Green Gate Gatersleben“ wurde fortgeführt.

Insbesondere die Öffentlichkeitsarbeit des IPK wird durch die „Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e. V.“ unterstützt; ebenso finanziert die Gemeinschaft das Publikationsprojekt zum Campus Gatersleben als Landschaftspark und Kunstraum mit.

Zur Förderung des kulturellen Lebens im Institut und in der Region unterstützt das IPK aktiv die Arbeit der „Gesellschaft zur Förderung der Kultur Gatersleben e. V.“.

Der Biotechnologiestandort Gatersleben

Im September des Berichtsjahres konnte im Rahmen der Veranstaltungen zum „Ort der Ideen“ (s. S. 13) der Gewächshauskomplex des Bioparks eingeweiht werden. Er wird für die Nutzer, die Firmen vor Ort, von der Greenhouse Service GmbH betrieben. Ende des Jahres nahm in den fertiggestellten Laborräumen eine Zweigstelle des Saatenunion-Resistenzlabors ihre Arbeit auf.

Am 1. November wurde das „Grüne Labor“, eine Ausbildungsstätte für Schüler und Lehrer, im Biotech-Gründerzentrum durch den Kultusminister des Landes, Prof. Jan-Hendrik Olbertz, eröffnet.

IPK presented some of its applied research results at several **exhibitions and fairs**, including BIO 2006 in Chicago (April 9 to 12) and Analytica in Munich (April 25 to 28). It also was an invited participant in the 'Long Night of Science' (July 14) organised by the University of Halle. A joint presentation was made with InnoPlanta at the 'Landesgartenschau' (Saxony-Anhalt Horticultural Show) at Wernigerode (September 9).

On September 26, the Gatersleben campus was honoured as an '**Ort der Ideen**' (place of ideas) as part of the nationwide competition '365 places in the country of ideas'. The initiative to take part in the competition was taken by 'Green Gate Gatersleben', a loose association of all the biotech companies sited on the campus and related institutions and organisations. As part of the celebration, Dr. Stefan Abel, an agrobiologist of the University of Göttingen, was awarded the **Gatersleben Research Award** (see Fig. 5) for his excellent PhD work. This prize is conferred every other year by IPK and the Association for the Advancement of Cultivated Plant Research Gatersleben e. V. The event was followed by a round-table discussion organised by the Biopark administration on the ethical challenges of modern biotechnology.

We continued our cooperation with public relation networks of the Leibniz Association and '**Green Gate Gatersleben**' which unites all stakeholders at the campus, and seeks to promote the advantages of the site for biotechnology.

Two associations support the work of the Institute and promote cultural activities at the site. These are the Association for the Advancement of Cultivated Plant Research Gatersleben e. V. and the Association for the Advancement of Culture.

The Biotech Campus Gatersleben

The year 2006 saw the maturation of the **Biopark** buildings, and in September the new greenhouse complex was officially opened. Several of the companies at the campus, especially *SunGene*, use the greenhouses extensively, and the Saatenunion Resistenzlabor company initiated a laboratory in the Biopark in December. On November 1, the '**Grünes Labor**' (Green Lab) officially started its training programmes for school children and their teachers. The most prominent guest at the opening ceremony was Prof. Jan-Hendrik Olbertz, the Saxony-Anhalt Minister of Education and Cultural Affairs.

Verwaltung und technische Infrastruktur/ Administration and Technical Infrastructure

Personal und Finanzierung der Stiftung/Human Resources and Foundation Funding

Personal/Staff

Im Berichtsjahr hat sich der Gesamtpersonalbestand gegenüber dem Vorjahr am Stichtag 31. Dezember 2006 von 425 auf 450 Personen erhöht. Darunter befinden sich 265 (2005: 259) Mitarbeiter/-innen auf Planstellen. Neben 108 (2005: 122) Drittmittelbeschäftigten waren 53 (2005: 21) Mitarbeiter/-innen auf Annexstellen angestellt. Der Anstieg ist zum einen in der Bewilligung von zwei Projekten im Rahmen des Paktes für Forschung und Innovation begründet. Hier werden vom Zuwendungsgeber zusätzliche Mittel in der Grundfinanzierung bereitgestellt. Zum anderen wurde IPK-intern ein Ideenwettbewerb initiiert, der zur verstärkten Umsetzung anwendungsorientierter Forschung beitragen soll. Zum Stichtag waren insgesamt 24 Ausbil-

dungsplätze vergeben; darunter vier Bürokaufleute, 14 Biologielaborant(en)/-innen, zwei Fachinformatiker Systemintegration, eine Fachangestellte für Medien- und Informationsdienste und drei Gärtner/-innen für Gemüsebau. Einzelheiten sind in der Tabelle 1 dargestellt.

Am 31. Dezember 2006 waren 254 Personen in einem befristeten Arbeitsverhältnis tätig. Auf Zeit angestellt waren von den 151 Wissenschaftler/-innen insgesamt 121. Von den 58 Wissenschaftler/-innen im Planstellenbereich sind 28 befristet beschäftigt.

Die Verteilung der Stellen auf die jeweiligen Organisationseinheiten wird in der Tabelle 2 dargestellt.

Tabelle/Table 1: Personalentwicklung im IPK/Staff Development at IPK

| Personen | 31.12.1992 | | 31.12.1996 | | 31.12.2002 | | 31.12.2006 | |
|----------------------------------|------------|------------------------|------------|------------------------|------------|------------------------|------------|------------------------|
| | gesamt | darunter Wissensch. | gesamt | darunter Wissensch. | gesamt | darunter Wissensch. | gesamt | darunter Wissensch. |
| Stellenplanpersonal | 261 | 51 | 269 | 53 | 256 | 57 | 265 | 58 |
| Verstärkerfondspersonal | 57 | 32 | 15 | 7 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| HSP III-Personal | 0 | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Drittmittelfinanziertes Personal | 71 | 47 | 105 | 74 | 166 | 100 | 108 | 72 |
| Annexpersonal | 12 | 0 | 27 | 6 | 19 | 8 | 53 | 21 |
| Auszubildende | 2 | 0 | 11 | 0 | 16 | 0 | 24 | 0 |
| Gesamt | 403 | 130 | 428 | 141 | 457 | 165 | 450 | 151 |
| davon: | | | | | | | | |
| Vollzeitbeschäftigte | 267 | 93 | 281 | 92 | 320 | 121 | 282 | 99 |
| Teilzeitbeschäftigte | 136 | 37 | 147 | 49 | 137 | 44 | 168 | 5 |

Tabelle/Table 2: Beschäftigte nach Organisationseinheiten in Personen (Stand 31. Dezember 2006)/
Departmental Staff (as of 31st December 2006)

| Organisationseinheiten | Planstellen-personal | Drittmittel-personal | Annex-personal | Auszu-bildende | Summe |
|--|----------------------|----------------------|----------------|----------------|------------|
| Genbank | 70 | 24 | 11 | 0 | 105 |
| Cytogenetik und Genomanalyse | 51 | 44 | 14 | 0 | 109 |
| Molekulare Genetik | 27 | 20 | 8 | 0 | 55 |
| Molekulare Zellbiologie | 33 | 20 | 16 | 0 | 69 |
| Wissenschaftliche Dienstleistungen | 27 | 0 | 1 | 0 | 28 |
| Zentrale Dienste | 28 | 0 | 1 | 0 | 29 |
| Verwaltung | 22 | 0 | 2 | 24 | 48 |
| Geschäftsführung und Stabsfunktionen (einschl. Sekretariate) | 7 | 0 | 0 | 0 | 7 |
| Gesamt | 265 | 108 | 53 | 24 | 450 |

Wirtschaftsplan 2006/Budget in 2006

2006 wurden der Stiftung im Rahmen der Grundfinanzierung 25,2 Mio. EUR zugewendet. Die institutionelle Förderung in Höhe von 24,6 Mio. EUR erfolgte durch das Land Sachsen-Anhalt und wurde anteilig vom Bund und der Gemeinschaft der Länder der Länder mitfinanziert. Neben dieser Zuwendung wurden 0,6 Mio. EUR aus dem Europäischen Fonds für Regionale Entwicklung (EFRE) als Anteilsfinanzierung in Höhe von 50 % der zuwendungsfähigen Ausgaben für die Baumaßnahme Sanierung Friedrich-Miescher-Haus vom Land Sachsen-Anhalt zur Verfügung gestellt. Erstmals wurden Wettbewerbsmittel im Rahmen des Paktes für Forschung und Innovation in Höhe von 546 TEUR vom Zuwendungsgeber für zwei Projekte bereitgestellt. In dem Projekt „Entwicklung einer physischen Karte für das Gerstengenom“ ist das IPK federführend. Bei einem anderen Projekt des Instituts für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) Großbeeren wirkt das IPK als Kooperationspartner mit. 55 TEUR erhielt das IPK als sonstige Zuwendungen von der Bundesagentur für Arbeit zur Finanzierung der Altersteilzeit sowie von Krankenkassen als Erstattungen im Zusammenhang mit Mutterschaft.

Im Bereich der institutionellen Förderung stellen die Personalausgaben mit 11.500 TEUR (46 %) die größte Position dar, gefolgt von den Sachausgaben, einschließlich Zuweisungen mit 6.838 TEUR (27 %), den Bauinvestitionen mit 4.795 TEUR (19 %) und den Geräteinvestitionen mit 1.857 TEUR (8 %).

Drittmittel 2006/Third Party Funding in 2006

Trotz allgemein rückläufiger Projektbewilligungen konnte das IPK dank gesteigener Zuwendungen für Partner das Drittmittelvolumen 2006 im Vergleich zum Vorjahr auf gleichem Niveau halten. Erfreulich ist ein Anstieg der Bewilligungen des Kultus- sowie des Wirtschaftsministeriums des Landes Sachsen-Anhalt. Über den Sonderforschungsbereich 648 wurden im Berichtsjahr 98 TEUR eingenommen. Die Einnahmen von der DFG sind wieder deutlich gestiegen.

Für 103 Projekte (Vorjahr 131) wurden im Berichtsjahr inkl. Partner 6.056 TEUR (Vorjahr 6.042 TEUR) Einnahmen erzielt. Die BMBF-Einnahmen resultieren überwiegend aus der Teilnahme des IPK am Programm des BMBF „Genom-Analyse im biologischen System Pflanze“ (GABI II) und aus der Durchführung der zwei Großprojekte „Aufbau einer bundeszentralen *ex situ*-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig“ sowie „Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle“. Das erstgenannte Großprojekt ist 2006 abgeschlossen worden. Hauptzuwendungsgeber sind das Bundesministerium für Bildung und Forschung mit 2.974 TEUR (Vorjahr 3.668 TEUR), die Deutsche Forschungsgemeinschaft mit 885 TEUR (Vorjahr 630 TEUR), das Land Sachsen-Anhalt mit 498 TEUR

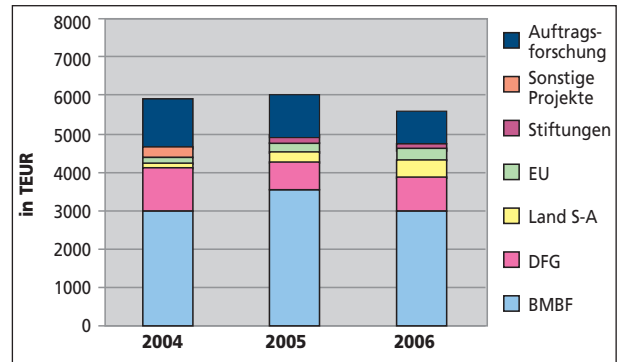


Fig. 6: Entwicklung der Drittmittel nach Mittelherkunft ohne Anteil für Partner/Development of third party funds excl. partner shares (source of funds).

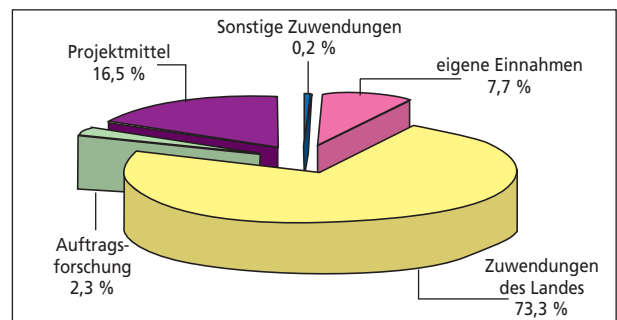


Fig. 7: Gesamteinnahmen des IPK 2006: 29.429 TEUR/Total revenues of IPK 2006: EUR 29,429 k.

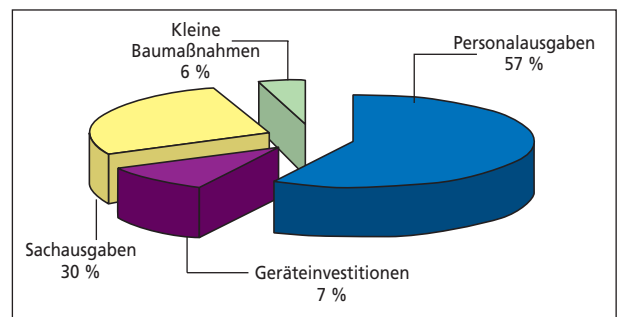


Fig. 8: Gesamtausgaben des IPK 2006: 27.886 TEUR/Total expenditure of IPK 2006: EUR 27,886 k.

(Vorjahr 262 TEUR) und die Europäische Union mit 387 TEUR (Vorjahr 305 TEUR).

Mit 670 TEUR Einnahmen im Rahmen der Auftragsforschung (Vorjahr 1.006 TEUR) ist die ausschließliche Forschung mit Wirtschaftsunternehmen leider rückläufig. Dagegen sind in einer Vielzahl der Projekte mit dem BMBF oder der EU mit steigender Tendenz Betriebe der Wirtschaft als Partner beteiligt. Außerdem gab es Mittel von sonstigen Zuwendungsgebern in Höhe von 26 TEUR (Vorjahr 54 TEUR). Zusätzlich zu den Einnahmen für das IPK sind im Rahmen von drei Projekten 520 TEUR (Vorjahr 40 TEUR) für

Partner eingenommen und weitergereicht worden. Die Entwicklung der Einnahmen für Projekte von 2004 über 2005 bis 2006 ist in der Fig. 6, S. 16, dargestellt.

Gesamteinnahmen und -ausgaben 2006/ Total Revenues and Expenditure in 2006

Die gesamten Einnahmen und Ausgaben des IPK von der Grundfinanzierung, einschließlich EFRE-Mittel über sonstige Zuwendungen, eigene Einnahmen bis hin zur Drittmittelfinanzierung in 2006 sind in ihrer Zusammensetzung in Figs. 7 und 8, (S. 16,) dargestellt. Grundsätzlich wurden die Einnahmen und Ausgaben für Ausbaumaßnahmen wegen ihres einmaligen Charakters aus der Betrachtung ausgeklammert.

Kostenrechnung/Cost Calculation

Für das Berichtsjahr 2006 wird die Kostenstellenrechnung in Tabelle 3 auf Abteilungsebene zusammengefasst dargestellt. Zu den Forschereinzelnkosten (FEK) zählen die Personalkosten, die Reisekosten und die Dienstleistungen Dritter in den wissenschaftlichen Arbeitsgruppen, einschließlich Ausgaben für Partner in Projekten. Gemeinkosten sind durch direkte Erfassung auf den Kostenstellen wie Reparaturen, Kosten für Telefon, Veröffentlichungen, Patentaufwendungen, Abschreibungen etc. oder durch Umlagen entstanden. In den Umlagen sind die Kosten für Wasser, Heizung, Energie, Bauunterhaltung, Abteilungsleitung, Querschnitt, Versuchsfeld und Gärtnerei, zentrale Datenverarbeitung usw. enthalten. Sie werden über spezifische Verteilerschlüssel den Kostenstellen zugeordnet. Die Gemeinkosten im Verhältnis zur Summe der Einzelkosten ergeben den Gemeinkostensatz. Gegenüber den Vorjahren ist ein Ansteigen der Gemeinkosten, speziell bei den Abschreibungen, zu verzeichnen. Die umfangreichen Sanierungsmaßnahmen in den Gebäuden und der technischen Infrastruktur wirken sich jetzt kostenseitig aus.

Tabelle/Table 3: Komprimierte Kostenstellenrechnung nach Organisationseinheiten (Angaben in TEUR)/
Consolidated Cost Calculation for Departments (in EUR k)

| | Wissenschaft gesamt | Genbank | Cytogenetik und Genom- analyse | Molekulare Genetik | Molekulare Zellbiologie |
|-----------------------------------|------------------------|----------------|--------------------------------------|-----------------------|----------------------------|
| Summe FEK ¹ | 12.259,1 | 4.089,0 | 3.608,6 | 2.267,0 | 2.294,5 |
| Verbrauchsmaterial | 1.871,0 | 605,8 | 621,0 | 271,8 | 372,4 |
| Summe Einzelkosten | 14.130,1 | 4.694,8 | 4.229,6 | 2.538,8 | 2.666,9 |
| Gemeinkosten dir. gebucht | 1.134,7 | 394,9 | 229,1 | 125,7 | 385,0 |
| Abschreibungen | 4.373,2 | 1.226,0 | 1.128,8 | 623,6 | 1.394,8 |
| Zwischensumme | 5.507,9 | 1.620,9 | 1.357,9 | 749,3 | 1.779,8 |
| Summe Umlagen | 4.705,3 | 1.959,9 | 1.172,3 | 679,4 | 893,7 |
| Summe Forschergemeinkosten | 10.213,2 | 3.580,8 | 2.530,2 | 1.428,7 | 2.673,5 |
| Materialgemeinkosten | 792,2 | 288,8 | 250,4 | 112,1 | 140,9 |
| Verwaltungsgemeinkosten | 2.320,9 | 790,9 | 647,3 | 376,6 | 506,1 |
| Gemeinkosten gesamt | 13.326,3 | 4.660,5 | 3.427,9 | 1.917,4 | 3.320,5 |
| Selbstkosten | 27.456,4 | 9.355,3 | 7.657,5 | 4.456,2 | 5.987,4 |
| Gemeinkostensatz | 94% | 99% | 81% | 76% | 125% |

¹ FEK = Forschereinzelnkosten

Technologietransfer/Technology Transfer

Im Jahr 2006 wurden neun Erfindungen durch Wissenschaftler des IPK gemeldet, von denen bis zum Jahresende sechs vom Institut in Anspruch genommen worden sind.

Im Berichtsjahr wurde eine Patentanmeldung auf den Namen des Instituts vorgenommen, eine Erfindung zum Betriebsgeheimnis erklärt und zwei weitere, die aus Forschungs- und Entwicklungsvorhaben resultierten, von den jeweiligen Auftraggebern aus der Industrie angemeldet. Hervorzuheben ist hier insbesondere die vom IPK zum Patent angemeldete Erfindung eines universellen Vektorsystems zur Genexpression bei Hefen, für die schon kurz nach Einreichung der Anmeldung Leserechte zugunsten mehrerer Industrieunternehmen erteilt wurden und für die bereits eine Kooperationsofferte seitens der Wirtschaft besteht.

Im Laufe des Jahres wurden acht Patente für das IPK erteilt. Im Bereich Technologietransfer waren Ende des Jahres insgesamt 141 Patentanmeldungen und davon 41 erteilte Patente registriert.

Das Institut ging im Jahr 2006 insgesamt sechs Kooperations- sowie fünf neue Forschungs- und Entwicklungsverträge ein. Daneben wurden im Bereich Technologietransfer und Recht vier Lizenzoptionsverträge und 67 Materialtransfer- und Geheimhaltungsvereinbarungen mit in- und ausländischen Forschungseinrichtungen sowie Wirtschaftsunternehmen abgeschlossen.

Zur Fortsetzung der seit 2004 bestehenden Zusammenarbeit mit der Ascenion GmbH zur Bewertung und Verwertung von Erfindungen wurden im März 2006 neue Verträge abgeschlossen. Das dreijährige Projekt wird vom BMBF gefördert. Wissenschaftler des Instituts haben nun die Möglichkeit, in monatlichen „Erfindersprechstunden“ Fragen, Probleme und Verwertungsmöglichkeiten vor Ort in Gatersleben mit einem erfahrenen Experten zu diskutieren.

Im Jahre 2006 wurde schließlich zum zweiten Male ein „Ideenwettbewerb“ zur Förderung anwendungsorientierter Forschungsprojekte durchgeführt, der großen Anklang unter den Wissenschaftlern des Instituts fand. Von den insgesamt 20 eingereichten Projektanträgen konnten sechs bewilligt werden, darunter z. B. ein Vorhaben zur Entwicklung genetisch neuer Weizenlinien mit erhöhtem Korn-Proteingehalt.

Um die Ausgründung der Dienstleistungsfirma IT-Breeding zu ermöglichen, wurde eine Projektidee durch das IPK gefördert. Beabsichtigt ist eine Firmengründung im 1. Quartal 2007 durch Frau Dr. Malysheva-Otto, die u. a. durch Datenbankintegration eine Brücke zwischen Molekularbiologie und Pflanzenzüchtung schlagen möchte und in diesem Rahmen Dienstleistungen anbieten wird.

Raum- und Geräteangebot, sonstige Infrastruktur/ Facilities, Equipment and Infrastructure



Fig. 9: Die Sanierung des Friedrich-Miescher-Hauses wurde 2006 abgeschlossen.
Reconstruction of the Friedrich Miescher Building was completed in 2006 (Foto: B. Schäfer, K. Engelmann).



Fig. 10: Durch die Sanierung wurden die Arbeitsbedingungen wesentlich verbessert.
Working conditions were considerably improved by the reconstruction of the Friedrich Miescher Building (Foto: B. Schäfer, K. Engelmann).

Baumaßnahmen/Construction Projects

Im Berichtsjahr wurden für die Verbesserung des Raumangebotes Bauleistungen in Höhe von ca. 5,7 Mio. EUR aufgewandt. Die Sanierung des Friedrich-Miescher-Hauses konnte 2006 abgeschlossen werden (s. Figs. 9 und 10, S. 19). Begonnen wurde mit der Errichtung der Bibliothek im ehemaligen Gebäude „Physik“ unter Einbeziehung eines Teils des Laborcontainers. Die Sanierung der technischen Infrastruktur wird abhängig vom Baufortschritt bei den Gebäudesanierungen fortgesetzt. Für das Kommunikationszentrum ist die Z-Bau-Unterlage erstellt worden. Die Errichtung ist 2007/2008 im bisherigen Gebäude Hörsaal und der ehemaligen Bibliothek geplant. Im Rahmen der Kleinen Neu-, Um- und Erweiterungsbauten wurde der Umbau der Genbank-Außenstelle „Nord“ am Standort Malchow fortgeführt. Für den Standort Groß Lüsewitz ist das Sanierungskonzept der neu ausgerichteten Forschungsstrategie in „Nord“ angepasst worden. Eine Entscheidung zu den vorgestellten Varianten steht noch aus. Außerdem wurden durch die „Optimierung der Gewächshausklimatisierung“ (s. Fig. 11) und die „Sanierung der Genetik G“ die Bedin-



Fig. 11: Sanierte Gewächshäuser mit Klimatisierung.
Reconstructed greenhouses with climate control (Foto: B. Schäfer, K. Engelmann).

gungen für den Versuchsanbau wesentlich verbessert. Mit letztgenannter Maßnahme werden die strengen Auflagen zur räumlich getrennten Aufbereitung und Lagerung von transgenen Pflanzen erfüllt.

Tabelle/Table 4: Baumaßnahmen/Construction Projects

| Lfd. Nr. | Maßnahme | Ausgaben in TEUR |
|------------------|---|------------------|
| 1 | Sanierung technische Infrastruktur | 297 |
| 2 | Sanierung Friedrich-Miescher-Haus | 1.260 |
| 3 | Errichtung Bibliothek | 1.680 |
| 4 | Kommunikationszentrum | 380 |
| 5 | Umbau Genbank-Außenstelle „Nord“ | 38 |
| 6 | Sanierung Verbinder Friedrich-Miescher-Haus | 76 |
| 7 | Optimierung Gewächshausklimatisierung | 455 |
| 8 | Sanierung Genetik G | 919 |
| 9 | Erweiterung Energieversorgung | 189 |
| 10 | Sanierung technisches Servicegebäude | 80 |
| 11 | Installation Regeltechnik Trafo 3 | 52 |
| 12 | Wegeinstandsetzung Feldwege | 12 |
| 13 | ca. 250 Kleinaufträge (Bauunterhaltung) und Sonstiges | 237 |
| Insgesamt | | 5.675 |

Informationstechnologie/Information Technology

Die Arbeitsgruppe Informationstechnologie, Wissenschaftliche Bibliothek und Dokumentation (ITB) wurde 2005 gegründet. Ziel ist die Konsolidierung und Weiterentwicklung der IT-Ressourcen des IPK, um den steigenden Anforderungen an die Leistungsfähigkeit und die Verfügbarkeit des operativen IT-Systembetriebs gerecht zu werden.

Zu den zentralen Aufgaben der Gruppe gehören der Betrieb von zentralen IT-Diensten, wie Netzwerk, zentrale Dateisysteme, Archivierung und Backup. Schwerpunkt im Berichtsjahr war die Inbetriebnahme eines File Server Clusters für die IPK-zentrale Ablage von Nutzerdateien. Um den stetig zunehmenden Virusproblemen gerecht zu werden, wurde in diesem Zusammenhang eine Anti-Virussoftware installiert, welche die abgelegten Dateien automatisch auf Viren überprüft. Zu den erzielten Fortschritten zählt auch die Einrichtung eines zentralen Active Directory Service als zentraler Verzeichnisdienst zur einheitlichen Verwaltung von Nutzerinformationen. Teile der IPK-Arbeitsplatzrechner wurden bereits erfolgreich in die darauf aufbauende Windows-Domäne übernommen, so dass hier eine homogene, zentrale und somit ressourcensparende Verwaltung von Dateien und Druckern angeboten werden kann. Somit konnte auch eine zentrale Sicherung von Nutzerdateien umgesetzt werden. Weiterhin wurde zur Verbesserung der IT-Leistungsfähigkeit der Aufbau eines zentralen Monitoring-Systems zur Überwachung des Netzwerkbetriebes und der Server fortgeführt.

Ein weiteres, für das IPK zentrales IT-Projekt zur Konsolidierung und zum finalen Ersatz des ehemaligen Internet- und Intranet-Auftrittes, wurde im letzten Jahr entscheidend vorangetrieben. Zur Vorbereitung der neuen Internet-Präsenz des IPK wurde das durch die Arbeitsgruppen Bioinformatik, Plant Data Warehouse und Genbankdokumentation erprobte System erweitert. Dazu wurden im Berichtsjahr alle technischen und konzeptionellen Vorarbeiten abgeschlossen, so dass im neuen Jahr die Umstellung auf das neue System erfolgen kann. Neben der externen Darstellung von Informationen, Ressourcen und den Forschungsergebnissen des Instituts durch das Internet-Portal, wurde dazu ergänzend ein neues Intranet-Portal aufgesetzt. Dies dient vor allem der Verbesserung der IPK-internen Kommunikation, Arbeitsorganisation und des Informationsaustausches. Das wurde unter anderem durch die nun existierende zentrale Workgroup-Lösung der im Intranet-Portal enthaltenen Oracle Collaboration Suite ermöglicht.

Neben diesen geschaffenen zentralen Lösungen stellt insbesondere die individuelle Betreuung von wissenschaftlichen und nicht-wissenschaftlichen IT-Nutzern und Computerarbeitsplätzen eine wichtige, aber auch für die zukünftige Ressourcenplanung herausfordernde Aufgabe dar. So wurden im vergangenen Jahr allein 1.462 DV-Aufträge bearbeitet, die teilweise individuelle Nutzer- und Arbeitsplatzbetreuung erforderten. Dafür wurden 290 TEUR für Sachausgaben und 169 TEUR für Investitionen zur Verbesserung der

IT-Infrastruktur bereitgestellt.

Nach organisatorischer Änderung der Arbeitsgruppe Informationstechnologie, Wissenschaftliche Bibliothek und Dokumentation (ITB) zum Jahresende soll der IT-Teil der Arbeitsgruppe enger mit den wissenschaftlichen Arbeitsgruppen verzahnt werden. So soll dem sich am IPK immer stärker manifestierenden fachlichen Zusammenhang zwischen Wissenschaft und Informationstechnologie Rechnung getragen werden und im neuen Jahr durch ein Konzept zur Integration mit der IPK-Bioinformatik zu einer gemeinsamen Organisationseinheit vorangetrieben werden.

Neue Geräte im Jahr 2006/New Equipment in 2006

In 2006 wurden wissenschaftliche Geräte mit einem Gesamtwert (brutto) von 1.598 TEUR beschafft. Darunter waren acht Geräte mit einem Bruttoanschaffungswert von je über 25 TEUR für insgesamt 785 TEUR. Herausragend ist ein Automatisches Analysesystem im Wert von 331 TEUR, das für das Paktprojekt „Entwicklung einer physischen Karte für das Gerstengenom“ genutzt wird.

Versuchsfeld und Gärtnerei/Experimental Fields and Nurseries

Am IPK werden folgende Versuchsfelder bewirtschaftet:

| Art | Nutzfläche |
|---|----------------------|
| Gewächshäuser mit z. T. hochwertiger, multivalenter Ausstattung | 3.054 m ² |
| Kleingewächshäuser (170 Stück) | 2.595 m ² |
| Foliengewächshäuser | 344 m ² |
| Phytokammern | 142,4 m ² |
| Frühbeetkästen und Lagenquartiere als Doppel- und Einfachkästen | 1.460 m ² |
| Freilandversuchs- und Reproduktionsflächen | ca. 18 ha |

Daneben werden zur Zeit weitere 42 ha Ackerfläche auf dem Institutsgelände in eigener Regie landwirtschaftlich bearbeitet. Neben je einem eigenen Freisetzungversuch mit transgenen Erbsen und transgenem Winterweizen wurde ein umfangreicher Versuch für die BASF Plant Science GmbH mit transgenen Kartoffellinien betreut.

Wissenschaftliche Bibliothek/Scientific Library

Der Bestand präsentiert sich mit 75.578 Medieneinheiten in Freihandaufstellung, verteilt auf vier Standorte innerhalb des Instituts und ist vollständig über die IPK-Homepage recherchierbar.

Schwerpunkte des Bestandsaufbaus sind die Gebiete: Molekularbiologie, Genetik, Zytologie, Taxonomie und Kulturpflanzenforschung. 2006 durchliefen 989 Monographien, Serien, Periodika etc. als Neuzugang die Geschäftsgänge der Bibliothek. Von den 250 laufend gehaltenen Periodika in Printversion ist auf 92 Ausgaben der Online-Zugriff möglich.

Die interne Ausleihe umfasst für den Berichtszeitraum 5.792 Bände. 2.063 Anfragen aus anderen Bibliotheken wurden im Leihverkehr bearbeitet, davon wurden 184 Bände im Original und 1.526 Bestellungen als Kopie versandt. Im nehmenden Leihverkehr wurden aus anderen Bibliotheken 2.177 Bestellungen angefordert. Die Informationsdienste der Bibliothek umfassen außerdem Fachauskünfte sowie die Recherche in diversen Online-Datenbanken und Fachdiensten wie "ISI Web of Science" und überregionalen Bibliothekskatalogen und Fachdatenbanken. Neben der mittels „Biblio“ laufend gepflegten Inhouse-Datenbank dokumentiert eine weitere die Publikationen, Vorträge und Poster der Wissenschaftler des IPK.

Seit Anfang der 90er Jahre ist die Spezialbibliothek in ein von der Deutschen Forschungsgemeinschaft gefördertes Programm zum „Ausbau von Spezialbeständen an wissenschaftlichen Bibliotheken“ integriert, in welchem acht namentlich genannte Einrichtungen mit überregional bedeutenden Beständen gefördert werden. Des Weiteren ist die Bibliothek des IPK Teilnehmer am DFG-Projekt: „Aufbau eines virtuellen Fachkataloges Biologie“. Die Virtuelle Fachbibliothek Biologie, ein Projekt der Universitätsbibliothek Frankfurt/Main in Zusammenarbeit mit weiteren Bibliotheken und biologischen Fachverbänden, ist als zentrales bibliothekarisches Portal für das Fach Biologie konzipiert. Ab dem Zugangsjahr 2006 werden die Bücher im GBV-Verbundkatalog zusätzlich mit Notationen nach der „BioDDC“ versehen. Die „BioDDC“ ist eine Variante der Abridged Edition der Dewey Decimal Classification (DDC), speziell angepasst für Zwecke des Sondersammelgebietes Biologie/Botanik/Zoologie an der UB Frankfurt/Main für den Virtuellen Fachkatalog Biologie.

Forschungsberichte der Abteilungen, des Pflanzengenom-Ressourcen-Centrums (PGRC) und des Bioinformatik-Centrums Gatersleben-Halle (BIC-GH)/
 Research Reports of the Departments, the Plant Genome Resources Centre (PGRC) and the Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH)

Abteilung Genbank/ Department of Genebank

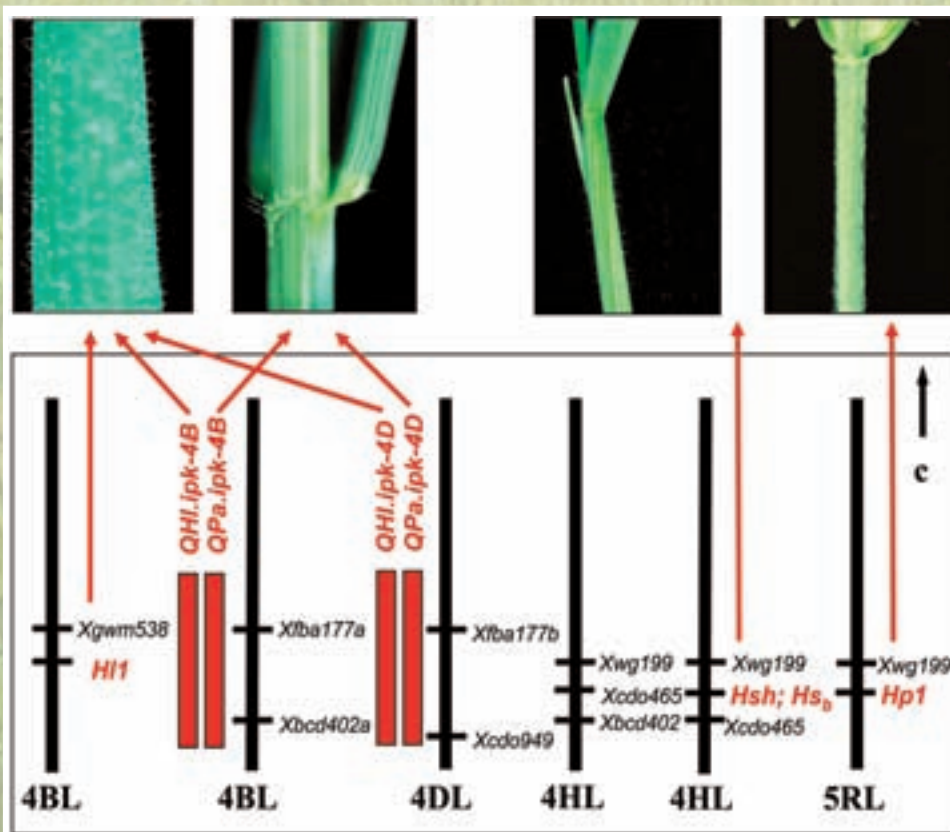


Fig. 12: Die Evaluierung der abiotischen Stresstoleranz bei Getreide schließt auch die vergleichende molekulare Kartierung von Genen/QTLs für "stress escape"-Merkmale mit ein. Eine homöologe Serie von Genen, welche die Behaarung verschiedener Pflanzenorgane steuert, wurde auf der Chromosomengruppe 4 der Triticeae detektiert. Gene/QTLs, welche die Behaarung der Blätter und Blattöhrchen im Weizen/*Aegilops tauschii* steuern, befinden sich in Regionen des Genoms, vergleichbar mit denen von Gerste (*Hordeum vulgare*, *H. bulbosum*) und Roggen, wo Gene für die Behaarung der Blattscheide (*Hsh*; *Hsb*) bzw. des Ährenhalses (*Hp1*) kartiert sind. Zu berücksichtigen ist dabei, dass sich *Hp1* auf einem translozierten Teil von Chromosom 5R befindet, welcher homöolog zur Chromosomengruppe 4 der übrigen Triticeae ist (O. Dobrovolskaya, U. Lohwasser, M.S. Röder, A. Börner).

Evaluation activities focusing on abiotic stress tolerance in cereals include the comparative molecular mapping of genes/QTLs controlling 'stress escape' traits. A homoeologous series of loci determining the pubescence of different plant organs were detected on the homoeologous group 4 chromosomes of the Triticeae. Genes/QTLs determining the traits hairy leaves and hairy auricles in wheat/*Aegilops tauschii* line up with the barley (*Hordeum vulgare*, *H. bulbosum*) leaf sheath pubescence genes (*Hsh*; *Hsb*) as well as the rye gene *Hp1*, determining the trait hairy peduncle. It should be mentioned, that *Hp1* is located on a translocated part of chromosome 5R, homoeologous to the group 4 chromosomes of the other Triticeae (O. Dobrovolskaya, U. Lohwasser, M.S. Röder, A. Börner).

Abteilung Genbank

Leiter: Prof. Dr. Andreas Graner

Allgemeine Forschungsziele

Im Zentrum der Abteilung steht die bundeszentrale *ex situ*-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen, deren wesentliche Aufgabe in der Erhaltung und Bereitstellung Pflanzengenetischer Ressourcen und damit verbundener Serviceleistungen für ein breites Spektrum von wissenschaftlichen, züchterischen und kulturhistorischen Fragestellungen liegt. Komplementär hierzu werden in einem Forschungsprogramm sammlungs- und nutzungsbezogene Forschungsthemen bearbeitet. Diese umfassen die weitere Optimierung des Erhaltungsmanagements, die Untersuchung von Artbildungs- und Anpassungsprozessen sowie die (molekular)genetische Analyse agronomischer Merkmale. Die Abteilung umfasst gegenwärtig acht Arbeitsgruppen, welche entsprechend ihrer inhaltlichen Ausrichtung drei Forschungsbereichen zugeordnet sind (Charakterisierung & Dokumentation, Management & Evaluierung, Taxonomie & Evolution).

Entwicklung im Berichtsjahr

Im Zentrum des Sammlungsmanagements steht die Fortführung und Weiterentwicklung der bundeszentralen *ex situ*-Genbank, welche im Jahr 2003 aus der Fusion der Sammlungen des IPK und der BAZ hervorging. Sie umfasst zum gegenwärtigen Zeitpunkt 148.128 Akzessionen aus 3.032 Arten. Die Sammlung ist in sieben Sortimente untergliedert, welche jeweils von einem/einer Kurator/in geleitet werden. Die Erhaltung der Sammlung erfolgt in Gatersleben (128.263 Akzessionen) und an der Außenstelle mit den beiden Standorten Groß Lüsewitz (Kartoffelsortiment, 5.904 Akzessionen) und Malchow (Öl- und Futterpflanzen, 13.961 Akzessionen). Zur Saatgutvermehrung wurden 6.604 Akzessionen angebaut was 4,6 % des Bestands entspricht. Daneben erfolgte der Anbau von 4.100 Akzessionen zur vegetativen Erhaltung bzw. Vermehrung. Die Anzahl der in Gatersleben und Groß Lüsewitz gehaltenen *in vitro*-Muster beläuft sich auf 2.886, die Kryokonservierung bei Kartoffel umfasst gegenwärtig 1.004 Akzessionen. Neben der Lebendsammlung erfolgten die Pflege und der weitere Ausbau der taxonomischen Referenzsammlungen (Herbarium, Ähren-, Samen- und Fruchtsammlung). Eine detaillierte Aufstellung des Sortimentsbestands und des Feldanbaus ist in Tabelle 5, S. 25, aufgeführt.

Im Berichtszeitraum wurden im Rahmen von 311 Bestellungen 13.371 Muster abgegeben. Die durchschnittliche Bearbeitungsdauer für Bereitstellung und Versand des Materials betrug 16 Tage. Wie in der Vergangenheit stellen Forschungsinstitute mit 51 % der Abgaben die größte Nach-

Department of Genebank

Head: Prof. Andreas Graner

Research Goals

The department holds the federal *ex situ* Genebank for agricultural and horticultural crop species, which includes conservation and distribution of genetic resources and provision of related information. Service activities are complemented by a research program addressing problems related to the optimization of the conservation of plant genetic resources, the development of strategies for their enhanced utilization as well as the investigation of evolutionary processes related to speciation, adaptation and radiation. The department presently hosts eight research groups, which, according to their scientific focus, have been assigned to three programs Characterisation & Documentation, Management & Evaluation, Taxonomy & Evolution.

Developments during 2006

Regarding the management of the collection, major focus was put on the continued advancement of the Federal *ex situ* Genebank, which in 2003 emerged from the fusion of the two *ex situ* collections of the IPK and the Federal Centre of Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ). It presently comprises 148,128 accessions representing 3,032 botanical species. The collection is split onto 7 assortments each of which is headed by a curator. The collection is maintained at Gatersleben (128,263 accessions), and at the two branch stations in Groß Lüsewitz (potato collection, 5,904 accessions) and Malchow (oils and forage crops, 10,704 accessions). In 2006, 10,704 accessions were planted in field plots or greenhouses. Taking into account the vegetatively propagated material (4,100 accessions), which is included in this number, 6,604 accessions were planted for seed multiplication, which equals 4.6 % of the collection. The number of accessions maintained *in vitro* amounts to 2,886 and the cryo-collection of potato comprises 1,004 accessions at present. In addition to the living collections taxonomic reference collections (herbarium specimens, spikes, seeds and fruits) have been maintained. A detailed overview on the collection is given in Table 5, see p. 25.

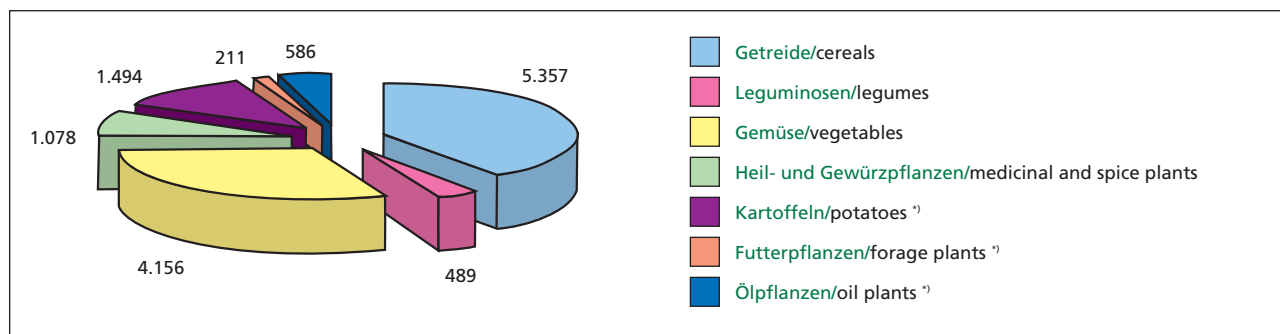
During the reporting period 311 requests were received and 13,371 accessions shipped. The average duration from receipt of the signed Material Transfer Agreement to dispatch of the samples accrued to 16 days. 51 % of the accessions were requested by research institutions, which continue to represent the largest user group. Compared to the previous year, the number of samples shipped abroad increased by 17 % to 7,130. In accordance to previous years, the majority of requests referred to cereals (see Fig. 13. p. 26).

Table/Tabella 5: Sortimentsbestand der Genbank 2006/
Inventory of the *ex situ* Collection 2006.

| | Bestand/ Total Number of Accessions | Anbau/ Cultivation (Accessions) |
|---|--|--|
| Gatersleben | | |
| Getreide und Gräser/ Cereals and Grasses | | |
| | 64.361 | 1.975 |
| Weizen/Wheat | 28.192 | 871 |
| Gerste/Barley | 21.427 | 478 |
| Hafer/Oat | 4.829 | 84 |
| Roggen/Rye | 2.455 | 35 |
| <i>Triticale</i> | 1.755 | 50 |
| <i>Aegilops</i> | 1.537 | 51 |
| Hirsen/Milletts | 835 | 33 |
| Mais/Maize | 1.661 | 73 |
| Gräser/Grasses | 1.628 | 300 |
| Leguminosen/Legumes | | |
| | 27.946 | 1.365 |
| <i>Phaseolus</i> | 8.627 | 209 |
| Ackerbohnen/Field Beans | 3.407 | 43 |
| Sojabohnen/Soybeans | 1.508 | 90 |
| Bohnen-Sonderkulturen/ Other Beans | 857 | 76 |
| Erbsen/Pea | 5.467 | 381 |
| Kichererbsen/Chickpea | 492 | 85 |
| <i>Lathyrus</i> | 522 | 49 |
| Wicken/Vetches | 1.846 | 126 |
| Lupinen/Lupines | 2.772 | 37 |
| Linsen/Lentils | 463 | 26 |
| Kleearten /Clover | 1.985 | 243 |
| Cucurbitaceae | | |
| | 2.718 | 90 |
| Kürbisse/Pumpkins | 904 | 24 |
| Melonen/Melons | 452 | 15 |
| Gurken/Cucumbers | 702 | 27 |
| Sonstige/Others | 660 | 24 |
| Gemüse (+Rüben)/ Vegetables | | |
| | 15.661 | 2.419 |
| Tomaten/Tomatoes | 3.313 | 47 |
| Paprika/Pepper | 1.524 | 18 |
| Eierfrüchte/Eggplant | 84 | 7 |
| <i>Beta</i> | 2.319 | 182 |
| <i>Raphanus</i> | 734 | 69 |
| Möhren/Carrots | 489 | 90 |
| Zichorie/Chicory | 681 | 51 |
| Zwiebeln/Onions | 1.488 | 1.352 |
| <i>Brassica</i> | 2.206 | 275 |
| Salat/Lettuce | 1.146 | 87 |
| Spinat/Spinach | 214 | 12 |
| Sellerie/Celery | 243 | 31 |
| Sonstiges/Others | 1.220 | 198 |

| | Bestand/ Total Number of Accessions | Anbau/ Cultivation (Accessions) |
|--|--|--|
| Öl-, Faser- und Farbpflanzen/ Oil, Fibre and Dye Plants | | |
| | 8.420 | 840 |
| Mohn/Poppy | 1.137 | 325 |
| Lein/Flax | 2.377 | 82 |
| Sonnenblumen/Sunflower | 711 | 135 |
| Farbpflanzen/Dye plants | 482 | 86 |
| Faserpflanzen/Fibre plants | 133 | 16 |
| Sonstige/Others | 3.568 | 196 |
| Arznei- und Gewürzpflanzen/ Medicinal and Spice Plants | | |
| | 6.420 | 1.405 |
| Mutanten/Mutants | | |
| | 2.737 | 350 |
| Tomaten/Tomatoes | 741 | 113 |
| Soja/Soybean | 1.461 | 225 |
| <i>Antirrhinum</i> | 535 | 12 |
| Gesamt/Total | 128.263 | 8.444 |
| Außenstelle „Nord“/External Branch “North” | | |
| Kartoffeln/Potatoes | 5.904 | 3.443 ² |
| Öl- und Futterpflanzen/ Oil and Forage Crops | | |
| | 13.961 | 1.757 |
| Raps und Futterkohl/ Rapeseed and feeding kale | 2.437 | 259 |
| Futtergräser/Forage grasses | 10.300 | 1.479 |
| Rotklee und Luzerne/ Red clover and alfalfa | 1.224 | 19 |
| Gesamt/Total | 19.865 | 5.200 |
| SUMME/GRAND TOTAL | 148.128 | 13.644 |

² einschließlich *in vitro*-Erhaltung, ohne Gaterslebener Cryo-Material/including *in vitro* conservation, excluding cryo-conservation



*) Außenstelle „Nord“/branch office “North”

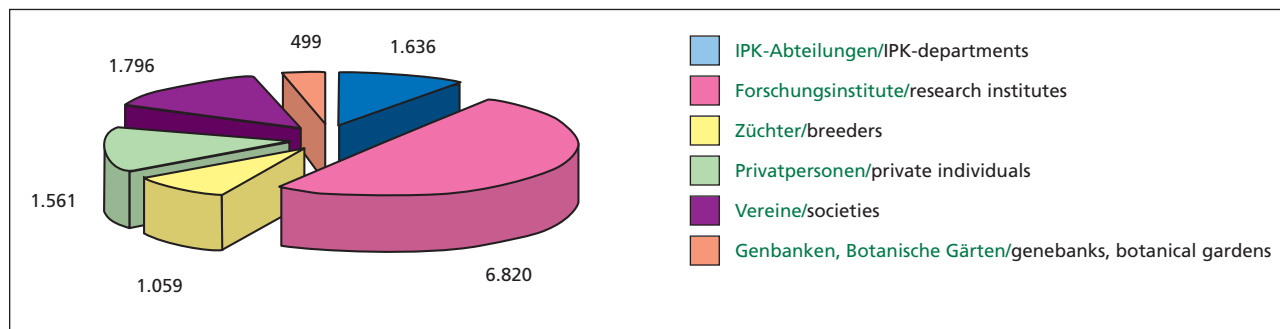


Fig. 13: Materialabgabe im Jahr 2006, aufgeschlüsselt nach Fruchtarten- und Nutzergruppen (insgesamt 13.371 Muster).
Material transfer in 2006, according to crop assortments and user groups (total of 13,371 accessions).

fragergruppe dar. Mit 7.130 Mustern wurden gegenüber dem Vorjahr 17 % mehr Muster ins Ausland versandt. Eine Aufschlüsselung der abgegebenen Muster nach Sortimenten, Nutzergruppen und Ländern ist der Fig. 13 zu entnehmen.

Als wichtiger Schritt zur langfristigen Absicherung des Erhaltungsmanagements wurde das Qualitätsmanagement (QM) mit dem Ziel fortgeführt, die Genbank im Frühjahr 2007 nach DIN EN ISO 9001:2000 einem externen Zertifizierungsaudit zu unterziehen. Hierzu wurden sämtliche Abläufe in der Genbank in Kernprozesse zerlegt und durch Verfahrensregelungen und Arbeitsanweisungen dokumentiert. Um mögliche Vermengungen von Saatgut bzw. den Eintrag transgenen Pollens aus auf dem IPK-Gelände angesiedelten Freisetzungsvorversuchen mit gentechnisch veränderten Pflanzen zu vermeiden, wurden Verfahrensregeln zum Umgang mit transgenem Material aufgestellt. Diese sehen u. a. die strikte räumliche Trennung von Freisetzungsvorversuchen und sonstigem Versuchsanbauten im Institut und dem Vermehrungsanbau sowie der Saatgutaufbereitung und -lagerung von Genbankmaterial vor.

Eine zentrale Rolle für die weitere Verbesserung des Ressourcenmanagements und die Informationsbereitstellung nimmt die Entwicklung des Genbankinformationssystems (GBIS) ein, in welchem die internen Abläufe des Genbankmanagements abgebildet, dokumentiert und kontrolliert werden können. Hierbei konnten im abgelaufenen Jahr wesentliche Komponenten des Systems (GBIS-Management (GBIS-M) und GBIS-Internet (GBIS-I)) in Betrieb genommen

An important step towards securing the quality of the conservation management has been the establishment of a Quality Management, which was introduced in fall 2005. In 2006 the corresponding activities were further enforced to undergo certification according to DIN EN ISO 9001:2000, which is scheduled for spring 2007. To this end, all workflows within the Genebank were scrutinised and broken down into core procedures, which in turn are now documented by procedure forms and work instructions. To prevent any admixture of seeds or pollen originating from transgenic field plots planted on the premises of the institute, a work instruction was released to regulate the handling of transgenic material, which amongst other items, requires the strict spatial separation of genetic resources and transgenic plants regarding field multiplications, seed processing and storage.

The development of the novel Genebank Information System (GBIS) is of central importance for the further advancement of the conservation management, as it mirrors the internal processes of the conservation management and thus allows for a strict documentation and controlling. A milestone was reached in June 2006, after two essential components of the system, the management module (GBIS-M) and the internet module (GBIS-I), went into operation. The latter allows external users to perform structured queries, the retrieval of specific information and the online ordering of seed. The system was introduced to potential users during a symposium held in December. To further complement “traditional” information on genetic resources, such as passport and evaluation data, by DNA-marker and DNA-sequence

werden. Letzteres bietet externen Nutzern umfangreiche Suchmöglichkeiten sowie ein Online-Bestellsystem. Interessierten Fachkreisen wurde das System im Dezember im Rahmen eines am IPK organisierten Symposiums vorgestellt. Eine wichtige Rolle im Hinblick auf eine gezielte Auswahl und Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen spielt die Integration von Passport- und merkmalsbezogenen Daten mit DNA-Markern bzw. Sequenzdaten. Die Entwicklung entsprechender Operativsysteme, *Datamarts* und von Softwareanwendungen erfolgt im Zuge der Etablierung eines *Plant Data Warehouses*.

Die Verfügbarkeit molekulargenetischer Informationen stellt ein wichtiges Kriterium für die Entwicklung von Strategien für die verbesserte Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen dar. Entsprechende Arbeiten konzentrieren sich in erster Linie auf die Gerste und den Weizen. Neben klassischen, rekombinationsgenetischen Untersuchungen werden gegenwärtig assoziationsgenetische Ansätze auf ihre Eignung zur Lokalisierung quantitativ vererbter Eigenschaften und zur Identifizierung von Kandidatengenomen überprüft. Als weitere wichtige Ressource für die systematische strukturelle und funktionelle Genomanalyse bei Gerste wurde ein durch den „Leibniz-Pakt-für-Forschung“ finanziertes Projekt zur Entwicklung einer physischen BAC-Contig-Karte für das Gerstengenom gestartet.

Einer der Schwerpunkte der Forschungsarbeiten im Bereich „Taxonomie & Evolution“ lag auf der taxonomischen und biochemischen Beschreibung der Gattung *Allium*. Hierbei wurden im Rahmen von Sammelreisen in mehrere asiatische Staaten pharmakologisch interessante Wildarten identifiziert. Daneben wurde die taxonomische Bearbeitung der Untergattung *Melanocrommyum* abgeschlossen. Einen weiteren Schwerpunkt bildete die Untersuchung von Artbildungs- und Verbreitungsprozessen. Besonderes Interesse gilt hierbei der Untersuchung der Frage, inwieweit sympatrische Artbildungsprozesse in der Gattung *Hordeum* durch Anpassung an ökologische Nischen und reproduktive Isolation bedingt sein können. Zur weiteren Verstärkung der Forschungsarbeiten auf dem Gebiet der Evolutionsgenetik wurde im Forschungsbereich „Taxonomie & Evolution“ die Arbeitsgruppe „Quantitative Evolutionsgenetik“ (Leiter Dr. Karl Schmid) etabliert. In dieser sollen verstärkt Fragen der innerartlichen Differenzierung mit Hilfe populationsgenetischer Ansätze bearbeitet werden.

Weitere Einzelheiten zu den aufgeführten sowie zu weiteren Forschungsarbeiten sind den nachfolgenden Berichten der Arbeitsgruppen zu entnehmen.

Andreas Graner, Januar 2007

related data, the development of operative systems for primary data, of data marts for the integration of data from different sources, and the development of software for the analysis of integrated data was further advanced in the context of the establishment of a Plant Data Warehouse.

Clearly, the availability of DNA-sequence related information represents an integral criterion for the development of strategies to enhance the deployment of genetic resources, e. g. in plant breeding programmes. The corresponding research activities are mainly focussed on wheat and barley. In addition to classical genetic analyses, linkage disequilibrium mapping has been put to test in barley for the localization of quantitative traits and for the identification of candidate genes. Funded by the „Leibniz-Pakt-für-Forschung“, the construction of a physical BAC-contig map of the barley genome has been initiated in a collaborative project with the Technical University of Munich and the Australian Centre for Plant Functional Genomics. The availability of a whole genome physical map will represent a cornerstone for a systematic analysis of the barley genome both on the structural and the functional level and, by the same token, promote both the understanding and efficient utilisation of genetic diversity.

A focal topic of research into taxonomy is the investigation of mechanisms that drive speciation and radiation. The corresponding research activities are mainly focussed on *Hordeum*, which, in evolutionary terms is a relatively young genus that is coined by several fairly recent speciation events. In this context it is investigated to what extent sympatric speciation within this genus is driven by the adaptation to ecological niches and subsequent reproductive isolation. To reinforce the research activities in the field of evolutionary genetics, the research group „Quantitative Evolutionary Genetics“ (head Dr. Karl Schmid) has been newly established. The group will address issues of intraspecific differentiation and domestication using population genetics approaches. The taxonomic and biochemical description of the genus *Allium* was continued by participating in research missions in several Asian countries to identify pharmacologically interesting wild *Allium* species. Moreover, taxonomic analysis of the subgenus *Melanocrommyum* was completed, providing evidence of several radiations that occurred within different monophyletic groups of this subgenus.

While this introductory report only referred to selected highlights, more comprehensive information on the research and service programme of the department is presented on the following pages in the individual group reports.

Andreas Graner, January 2007

Program: Characterisation & Documentation

Research Group: Genome Diversity

Head: Prof. Andreas Graner

Scientists

IPK financed

Andreeva, Kalina (Annex, 01.07.–30.09.2005)
Azhaguvel, Perumal, Dr. (Annex, till 28.02.2006; P, 01.03.–31.07.2006)
Schulte, Daniela (Annex, since 15.05.2006)
Sretenovic Rajjicic, Tatjana, Dr. (P, 01.02.–14.05.2006; Annex, since 15.05.2006)
Stein, Nils, Dr. (P)
Stracke, Silke, Dr. (P)

Grant Positions

Athmer, Benedikt (LSA)
Gottwald, Sven, Dr. (BMBF)
Haseneyer, Grit (BMBF, since 15.08.2006)
Sretenovic Rajjicic, Tatjana, Dr. (BMBF/BMVEL, till 31.01.2006)
Wiedow, Claudia (BMBF/DLR/WTZ-HUN, till 28.02.2005)
Winter, Andreas, Dr. (BMBF, till 31.08.2006)

Visiting Scientists

Balyan, Harinda Singh, Prof. (DFG, 27.03.–26.06.2006)
Haseneyer, Grit (BMBF, till 31.07.2006)
Komatsuda, Takao, Dr. (NIAS, 12.06.–30.06.2006)
Lundqvist, Udda, Dr. (IPK, 12.06.–23.06.2006)
Perovic, Dragan, Dr. (BAZ Aschersleben, till 05.03.2006; 19.06.–31.12.2006)
Wiedow, Claudia (self-financed, till 30.04.2006)

Scholars

Giang, Vu Thi Ha (scholarship Vietnam)
Yanes, Ermis (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)

Goals

Development of genome-based strategies for the conservation and utilisation of plant genetic resources.

Research Report

The research activities are driven by the expectation that a refined knowledge on the structure and function of plant genomes will promote the efficient management of genetic resources and the identification of novel alleles for their genetic improvement. Barley (*Hordeum vulgare*) is used as model system, due to its salient agricultural importance and because its seven chromosomes represent the base genome of all species within the Triticeae tribe. To attain these goals, the research group pursues a two pronged approach: the development and the enhancement of genomics resources for structural and functional genome analysis and hypothesis-driven research on biological and genetic problems.

Recent results from *Arabidopsis* and rice reveal that in conjunction with novel sequencing technologies the availability of the genomic sequence provides a cornerstone for the systematic isolation of genes by map-based cloning and for the systematic analysis of diversity patterns. Therefore, the generation of the complete genomic sequence of barley represents a salient goal in the strategic research activities of the group. To facilitate a clone by clone sequencing approach the construction of a physical map was initiated this year. Supported by a grant from the Leibniz Society ("Leibniz-Pakt für Forschung") a collaborative effort with the Australian Centre of Plant Functional Genomics and the Technical University of Munich was launched to construct a **physical map of the barley genome** based on high information content fingerprinting of 350,000 BAC clones (N. Stein, T. Sretenovic Rajjicic, D. Schulte). In parallel, a first pilot study on re-sequencing of BAC clones by 454 technology was completed. As expected the read length averaging at about 100 bp resulted in a comparatively large number of contigs per BAC. On the other hand, the even coverage of the BAC sequences by 454 reads allowed the unequivocal annotation of both non-repetitive sequences and genes. Based on these findings a second study has been initiated aiming at low coverage 454 sequencing of BAC-pools, to devise a cost-efficient strategy for gene discovery in complex genomes such as barley.

To assist the functional verification of candidate genes the development of a **TILLING** (targeted induced local lesions in genomes) population was continued. Barley seeds were mutagenised by Ethyl Methanesulfonate (EMS) treatment at concentrations between 20 and 60 mM. As a precondition for the systematic isolation of mutants by reverse genetic screens, the development of a DNA resource was initiated by taking leaf samples from 9,000 M2 plants and storing the corresponding M3 seeds derived from M2 that originated from treatments with 20-40 mM EMS. Among these individual M2 families 35 % revealed a mutant phenotype. As a first test to assess the performance of the resource, pilot screens were performed using *CEL-1* based heteroduplex analysis. In a subsample of about 1,800 plants (treated with 20-35 mM EMS) for fragments derived from four genes

(*Hv-eIF4E*, *HvCO1*, *Mlo*, *Vrs1*) an average mutation frequency of 1/0.6 Mb was observed. Eleven out of twelve mutant alleles displayed EMS-typical G,A/C,T transitions (S. Gottwald, N. Stein).

Genome-based strategies for the utilisation of genetic diversity rest on three pillars: (i) genetic mapping of agronomic traits (ii) the isolation of the genes and (iii) the identification of novel, superior alleles. Regarding the first, analysis of linkage disequilibrium (LD) provides an opportunity to map traits in natural populations or in germplasm collections. The approach is based on the fact that segregation of closely linked genes/alleles frequently has not reached Hardy Weinberg equilibrium. To validate the feasibility of **LD-mapping** in an inbreeding species such as barley, a world collection of 225 spring barley cultivars was phenotyped together with a set of 150 German breeding lines in multi-location trials for a series of agronomic traits. Genetic variation for each of the traits was significant with heritabilities exceeding 0.9. Analysis of population structure using 45 SSR markers randomly distributed across the seven barley chromosomes revealed the two distinct subclusters formed by 2- and 6-rowed barleys. For association analysis 7 candidate genes for the target traits heading date, plant height, thousand grain weight, raw protein and starch content were re-sequenced in the 225 accessions. Polymorphism ranged from 1 site per 957bp to 1/16 bp and the number of haplotypes from 5 to 19. Intragenic LD was observed for the individual genes, however at different extent. In a first screen significant associations were detected for a number of gene/trait combinations, statistical models are still refined though, to reduce the risk of spurious associations due to population structure (S. Stracke, G. Haseneyer).

Isolation of the **GA-insensitive dwarfing gene *sdw3*** by map based cloning has been continued. A 1.34 cM chromosomal segment harbouring the *sdw3* region on chromosome 2HL has been shown to correspond to about 800 kb of rice chromosome 7L, which displays nearly perfect colinearity. The smallest target interval comprising the *Sdw3* locus along with two flanking markers amounts to 0.04cM. None of the corresponding 53 annotated genes present in the orthologous region of rice provides an obvious candidate for *sdw3*. Therefore we aim to evaluate the potential of another monocot model species – *Brachypodium distachyon*. Since its genome is similar in size to that of rice, but on the other hand more closely related to barley, there may be an increased chance for finding a candidate gene in the *sdw3* orthologous region. The corresponding region from *Brachypodium* has been reconstructed by a contig consisting of 4 BAC clones. Complete sequencing of this contig is underway, to compare the gene content and order between *Brachypodium* and rice and to examine, whether the *Brachypodium* contig contains a candidate gene involved in GA-signalling (V.T.H. Giang, N. Stein).

An **allele mining approach** to identify novel alleles at the *Rym4* locus conferring resistance to the Barley Yellow Mosaic Virus complex was continued by completing sequence analysis of the 5 exons (645 bp) of the resistance gene in a total of 670 accessions. Thirty-one polymorphic nucleotide sites yielded a total of 45 different exon haplotypes. Nine of the single nucleotide polymorphisms (SNPs) were tri-allelic. While two SNPs were synonymous, the remaining 29 SNPs result in an amino acid exchange, deletion or insertion. Interestingly, the amino acid exchanges are clustering to a distinct region on the surface of the protein (Cap-binding domain). Based on the frequencies and the geographical distribution of the observed haplotypes a model is presently being developed in collaboration with the groups Plant Data Warehouse (PDW) and Quantitative Evolutionary Genetics (QEG) to estimate the total number of alleles present in the 20,000 barley accessions of the genebank. Moreover, test crosses are underway to identify those alleles that confer resistance (P. Azhaguvel, N. Stein).

The conservation of wind-pollinated, outbreeding species requires particular attention, since individual accessions need to be multiplied as populations, which are subject to a multitude of selection pressures, genetic drift, and unwanted cross pollination. To investigate these issues and to develop a **DNA-Barcode-based quality management**, fingerprinting of the entire *Lolium* collection consisting of 2,907 accessions has been completed using a pyrosequencing assay that was developed for seven EST-derived SNP-markers. Based on the fingerprinting data the collection accessions of *Lolium perenne* and *Lolium multiflorum* can be clearly differentiated while *Lolium hybridum* accessions maintain an intermediate position (Fig. 14, p. 30). The resulting allele frequencies are stored in a database (PSQB) and will serve as a reference to survey for changes in the allelic composition over time and thus will facilitate a long term surveillance of the management of the *Lolium* collection (T. Sretenovic Rajcic, K.J. Dehmer, E. Willner).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and Reproduction; Dr. A. Börner;

Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse; Dr. I. Große, T. Thiel, Ch. Künne, J. Keilwagen;

Dept. of Genebank, Branch Station "North"; Dr. K.J. Dehmer, E. Willner;

Dept. of Genebank, Research Group Quantitative Evolutionary Genetics; Dr. K. Schmid;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Gene and Genome Mapping; Dr. M. Röder, Dr. I. Matthies;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. W. Weschke, Dr. N. Sreenivasulu;

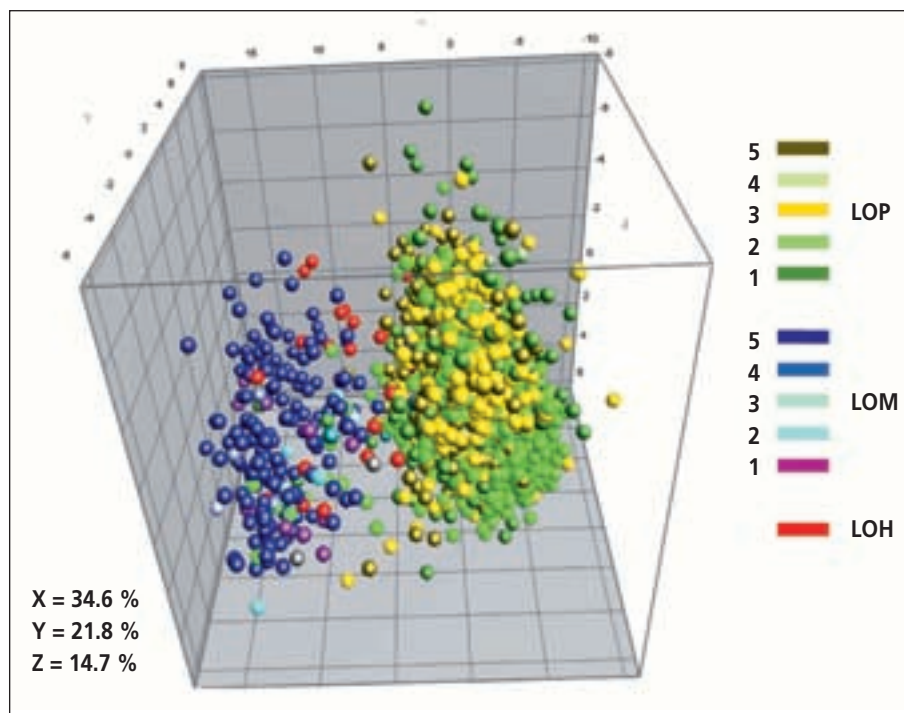


Fig. 14: Three dimensional representation of genetic relationships between 2,907 *Lolium* accessions based on 7 single nucleotide polymorphism markers. Botanical species (LOP: *Lolium perenne*; LOM: *Lolium multiflorum*; LOH: *Lolium hybridum*) and breeding status (5 = advanced/improved cultivar, 4 = breeding/research material, 3 = traditional cultivar/landrace, 2 = weedy, 1 = wild) are indicated by different colours (T. Sretenovic-Rajcic).

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlehn;
Plant Genome Resources Centre (PGRC); Dr. P. Schweizer.

Outside the Institute:

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Institute for Epidemiology and Resistance Research, Aschersleben; Dr. F. Ordon, Dr. A. Habekuss;

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Plant Breeding and Plant Protection, Halle/S.; Prof. W.E. Weber;

University of Hohenheim, Institute for Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics; Prof. H. Geiger;

University of Hohenheim, Fachgebiet Bioinformatik; Prof. H.-P. Piepho;

University of Potsdam, Institute of Biochemistry and Biology, Potsdam, Prof. T. Altmann;

KWS Saat AG, Einbeck; Dr. M. Ouzunova, Dr. T. Presterl; Lochow-Petkus GmbH, Bergen; Dr. V. Korzun;

Dr. J. Ackermann & Co., Irlbach; Dr. C.H.P. Einfeldt;

Institute of Crop and Grassland Science, Federal Agricultural Research Centre (FAL), Braunschweig; Dr. C. Paul;

MIPS, Munich; Dr. K.F.X. Mayer;

Bavarian State Research Centre, Weihenstephan; Dr. M. Herz;

University of Bielefeld, Department of Biology, Bielefeld; Prof. B. Weisshaar;

University of Saarbrücken, Department of Botany, Saarbrücken; Prof. P. Bauer;

ARI of the Hungarian Academy of Sciences, Martonvásár, Hungary; Dr. G. Galiba;

Hungarian Academy of Sciences, Szeged, Hungary;

Dr. J. Györgyey;

Biogemma, Aubière, France; Dr. A. Murigneux;

CIRAD-Biotrop, Montpellier, France; Dr. B. Courtois, Dr. C. Dupuits;

Danish Institute of Agricultural Sciences, Research Centre Flakkebjerg, Slagelse, Denmark; Dr. T. Lübberstedt;

ICARDA, Aleppo, Syria; Dr. M. Baum;

INRA, Clermont-Ferrand, France; Dr. C. Ravel, Dr. G. Charmet, Dr. C. Feuillet;

INRA, Evry, France; Dr. D. Brunel;

INRA, Gif sur Yvette, France; Prof. A. Charcosset, Dr. D. Manicacci;

Australian Centre for Plant Functional Genomics (ACPF), Glen Osmond, Australia; Prof. P. Langridge;

International Crops Research Institute for Semi Arid Tropics (ICRISAT), Patancheru, India; Dr. R. Varshney;

National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba, Japan; Dr. T. Komatsuda, Dr. T. Matsumoto;

Parco Tecnologico Padano, Department of Plant Genomics, Lodi, Italy; Dr. C. Pozzi;

Rothamsted Research Station, Harpenden, UK; Dr. K. Kanyuka;

Scottish Crop Research Institute (SCRI), Dundee, UK; Dr. R. Waugh;

University of California, Dept. Botany & Plant Sciences, Riverside, USA; Prof. T. Close;

University of Haifa, Institute of Evolution, Haifa, Israel; Prof. E. Nevo;

University of Olomouc, Olomouc, Czech Republic; Prof. J. Dolezel;

University of Zurich, Institute of Plant Biology, Zurich, Switzerland; Dr. T. Wicker.

Publications

Peer Reviewed Papers

- DRUKA, A., G. MUEHLBAUER, I. DRUKA, R. CALDO, U. BAUMANN, N. ROSTOKS, A. SCHREIBER, R. WISE, T. CLOSE, A. KLEINHOF, A. GRANER, A. SCHULMANN, P. LANGRIDGE, K. SATO, P. HAYES, J. MCNICOL, D. MARSHALL & R. WAUGH: An atlas of gene expression from seed to seed through barley development. *Funct. Integr. Genomics* 6 (2006) 202–211.
- KHLESTKINA, E.K., R.K. VARSHNEY, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: A comparative assessment of genetic diversity in cultivated barley collected in different decades of the last century in Austria, Albania and India by using genomic and genic simple sequence repeat (SSR) markers. *Plant Genet. Resour.* 4 (2006) 125–133.
- MARASCHIN, S.F., M. CASPERS, E. POTOKINA, F. WÜLFERT, A. GRANER, H.P. SPAINK & M. WANG: cDNA array analysis of stress-induced gene expression in barley androgenesis. *Physiol. Plant.* 127 (2006) 535–550.
- POTOKINA, E., M. PRASAD, L. MALYSHEVA, M.S. RÖDER & A. GRANER: Expression genetics and haplotype analysis reveal cis regulation of serine carboxypeptidase I (Cxp1), a candidate gene for malting quality in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Funct. Integr. Genomics* 6 (2006) 25–35.
- ROSSINI, L., A. VECCHIETTI, L. NICOLOSO, N. STEIN, S. FRANZAGO, F. SALAMINI & C. POZZI: Candidate genes for barley mutants involved in plant architecture: an *in silico* approach. *Theor. Appl. Genet.* 112 (2006) 1073–1085.
- ROSTOKS, N., L. RAMSAY, K. MACKENZIE, L. CARDIE, P.R. BHAT, M.L. ROOSE, J.T. SVENSSON, N. STEIN, R.K. VARSHNEY, D.F. MARSHALL, A. GRANER, T.J. CLOSE & R. WAUGH: Recent history of artificial outcrossing facilitates whole-genome association mapping in elite inbred crop varieties. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103 (2006) 18565–18661.
- SRETENOVIC-RAJICIC, T., S. NINKOVIC, J. MILJUS-DUKIC, B. VINTERHALTER & D. VINTERHALTER: *Agrobacterium rhizogenes*-mediated transformation of *Brassica oleracea* var. *sabauda* and *B. oleracea* var. *capitata*. *Biol. Plant.* 50 (2006) 525–530.
- VARSHNEY, R.K., I. GROSSE, U. HÄHNEL, R. SIEFKEN, M. PRASAD, N. STEIN, P. LANGRIDGE, L. ALTSCHMIED & A. GRANER: Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived SSR markers shows non-uniform distribution of genes in the barley genome. *Theor. Appl. Genet.* 113 (2006) 239–250.
- WICKER, T., E. SCHLAGENHAUF, A. GRANER, T.J. CLOSE, B. KELLER & N. STEIN: 454 sequencing put to the test using the complex genome of barley. *BMC Genomics* 7 (2006) 275.
- WILLSMORE, K.L., P. ECKERMANN, R.K. VARSHNEY, A. GRANER, P. LANGRIDGE, M. PALLOTTA, J. CHEONG & K.J. WILLIAMS: New eSSR and gSSR markers added to Australian barley maps. *Aust. J. Agric. Res.* 57 (2006) 953–959.
- ZHAO, T., M. PALOTTA, P. LANDRIDGE, M. PRASAD, A. GRANER, P. SCHULZE-LEFERT & T. KOPREK: Mapped Ds/T-DNA launch pads for functional genomics in barley. *Plant J.* 47 (2006) 811–826.

Book Chapters

- GRANER, A. & K.J. DEHMER: Genetische Diversität in Genbanken und deren züchterische Verfügbarkeit. In: Christen, O., F. Isermeyer, H. Flessa, V. Hoffmann, E. Kalm & A. Otte (Eds.): *Züchtungsforschung zwischen Wettbewerbsfähigkeit, Ressourcenschutz und Verbrauchererwartungen.* (Agrar Spectrum; 39). DLG, Frankfurt/M. (2006) 61–71.

Other Publications

- GALIBA, G., G. KOCSY, A. VÁGÚKFAÖVO, N. STEIN, P. SCHWEIZER, J. DUBCOVSKY & L. CATTIVELLI: Gene identification by transcript profiling and real time PCR during cold acclimation using wheat 5A chromosome substitution and recombinant lines. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): *European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006* (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben - Research Institute of Crop Production Prague - The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 33–37.
- GRANER, A.: Barley research at IPK. In: DE VICENTE, M.C. & J.C. GLASZMANN (Eds.): *Molecular markers for allele mining.* IPGRI, Rome/Italy (2006) 29–30.
- GRANER, A., M.S. ANDERSSON & M.C. DE VICENTE: A model for DNA banking to enhance the management, distribution and use of *ex situ* stored PGR. In: DE VICENTE, M.C. (Ed.): *DNA banks - providing novel options for genebanks?* (Topical Reviews in Agricultural Biodiversity). IPGRI, Rome/Italy (2006) 69–75.
- GRANER, A. & A. BÖRNER: Quest for seed immortality is mission impossible. *Nature* 442 (2006) 353.
- KHLESTKINA, E.K., X. HUANG, R.K. VARSHNEY, S. CHEBOTAR, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: Comparative studies of genetic diversity in wheat and barley germplasm collected at different time periods. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): *European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006* (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben - Research Institute of Crop Production Prague - The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 94–97.
- NAVAKODE, S., R.K. VARSHNEY, A. GRANER & A. BÖRNER: Screening OWB population for aluminium tolerance. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): *European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006* (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben - Research Institute of Crop Production Prague - The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 104–106.
- RÖDER, M., E. POTOKINA, L. MALYSHENVA-OTTO, I. MATTHIES & A. GRANER: Der steinige molekulare Weg zu besserem Malz. *Votr. Pflanzenzücht.* 69 (2006) 83–85.
- WEIDNER, A., R.K. VARSHNEY, G.H. BUCK-SORLIN, N. STEIN, A. GRANER & A. BÖRNER: QTLs for salt tolerance in three different barley mapping populations. In: BÖRNER, A.,

K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben - Research Institute of Crop Production Prague - The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 51–55.

Additional Publications of 2005

VARSHNEY, R.K., U. HÄHNEL, T. THIEL, N. STEIN, L. ALTSCHMIED, P. LANGRIDGE & A. GRANER: Genetic and physical mapping of genic microsatellites in barley (*Hordeum vulgare* L.). Czech J. Genet. Plant Breed. 41 (2005) 153–159.

PhD and Diploma Thesis

ANDREEVA, K.: Erschließung genetischer Ressourcen der Wiesenrispe für die Gräserzüchtung durch Analyse wichtiger Merkmalsausprägungen. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006) 118 pp.

Lectures, Posters and Abstracts

V4, V7, V15, V16, V17, V60, V61, V62, V63, V64, V65, V66, V67, V68, V69, V70, V71, V246, V247, V248, V249, V250, V251, V264, P1, P7, P16, P44, P45, P46, P50, P51, P52, P53, P65, P66, P89, P90, P91, P106, P112, P115, P117, P119, P143, P186, P190, P194, P195, P201, P214, P220.

Additional Funding

For further information see the survey page 180.

Research Group: Genebank Documentation

Head: Dr. Helmut Knüpffer

Scientists

IPK financed

Narang, Ram, Dr. (P)

Oppermann, Markus (P)

Vorwald, Jörn (Annex, 01.02.–31.07.2006)

Grant Positions

Vorwald, Jörn (BMBF/BMVEL, till 31.01.2006)

Goals

Development and maintenance of information systems for plant genetic resources with the aim to collate, consolidate, and provide information on plant genetic resources (PGR) on internet-based platforms to researchers, breeders and other users, and to support the management of PGR.

Research Report

The group's activities were focussed on the BMBF- and BMELV-funded research project **Development of a new Genebank Information System (GBIS; till May 2006)** in the frame of the fusion of the two German Genebanks. GBIS is being implemented in an Oracle environment. It consists of three parts:

(1) **GBIS/M**, the internal genebank management software, offers various functions for the day-to-day genebank activities. In February 2006, the system was taken into use by the internal users, the staff of the Genebank Department, including the branch stations in Malchow and Groß Lüsewitz. At the same time, the use of the legacy systems was largely stopped. The migration of data from the legacy systems was continued. During 2006, the system was further developed, improving and extending the functionalities. Continuous training of the users improved the acceptance of the system; their feedback led to further improvements. Adaptation to new user requirements, and the development of additional features is an ongoing process. The daily operation of the genebank was supported by GBIS/M in numerous ways, including seed stock data management and germination tests, management of passport data of accessions, handling of samples, support of the "seed cycle" (cf. Annual Report 2005), processing of seed requests (partly via GBIS/I; see below), import and export interface for C&E data with GBIS/B (see below), the preparation of sowing

lists based on seed stock data, printing labels for fields, greenhouses and distribution bags (M. Oppermann, J. Vorwald, W. Schölch, S. Flemming, H. Knüpffer).

(2) **GBIS/I**, the internet portal (http://gbis.ipk-gatersleben.de/gbis_i/), was developed by an external cooperator and includes passport data search possibilities and an online seed ordering component. It allows to query information on more than 146,000 accessions of the combined collections at Gatersleben, Malchow and Groß Lüsewitz. It was published on the IPK website in July 2006. First seed requests were received via GBIS/I. In December 2006, an extension for searching characterisation and evaluation data was released (H. Knüpffer, M. Oppermann, J. Vorwald).

(3) A Java application called **GBIS/B** supporting the use of PDAs for recording field observation data was further developed (J. Bienert, S. Flemming).

All GBIS components will be further developed in the coming years.

Passport data of genebank accessions were exported and submitted to the German National Inventory of PGR (PGRDEU), the European Central PGR Search Catalogue (EURISCO), and numerous European Central Crop Databases.

The consolidation of geographical data was continued, and coordinates for collecting sites were determined using online gazetteers, maps and expedition reports (S. Döll, S. Schiebold).

Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Crops (<http://mansfeld.ipk-gatersleben.de>) as well as other online databases maintained on the Mansfeld Server – Rehm's Database of Useful Tropical and Subtropical Plants, *Allium* Database and Image Database – were migrated from FoxPro into Oracle, and the corresponding web applications migrated to the new programming environment (R. Narang).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Resource Genetics and Reproduction; Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser;

Dept. of Genebank, Research Group External Branch "North"; Dr. K.J. Dehmer, E. Willner;

Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse; Dr. I. Große, T. Funke;

Dept. of Cytogenetics, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz, S. Weise.

Outside the Institute:

MB Data Research GmbH, Bonn; Dr. T. Bode;

Opitz Consulting GmbH, Gummersbach; H. Schlüter;

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Genebank Braunschweig, Dr. L. Frese, Dr. C. Germeier;

Federal Agency for Agriculture and Food (BLE), Information Centre for Biological Diversity (IBV), Bonn; Dr. F. Begemann, S. Harrer;

University of Hohenheim, Bioinformatics Section, Stuttgart;
Prof. H.-P. Piepho, K. Hartung;
University of Kassel, Faculty of Agriculture, Institute of Crop
Science, Department of Agricultural Biodiversity, Witzen-
hausen; Prof. K. Hammer;
Botanical Garden and Botanical Museum, Berlin-Dahlem;
Prof. W. Berendsohn;
International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Rome,
Italy; Dr. J. Engels, L. Maggioni, S. Gaiji;
Centre for Genetic Resources The Netherlands (CGN),
Wageningen, The Netherlands; Dr. Th. van Hintum;
Nordic Genebank, Alnarp, Sweden; D.T.F. Endresen;
Research Institute of Bioresources, Kurashiki, Japan;
Prof. K. Sato.

Publications

Peer Reviewed Papers

HARTUNG, K., H.-P. PIEPHO & H. KNÜPFER: Analysis of genebank
evaluation data by using geostatistical methods. *Genet.
Resour. Crop Evol.* 53 (2006) 737–751.

Other Publications

ANONYMOUS (INCL. H. KNÜPFER): Barley: evaluation and con-
servation of barley genetic resources to improve their
accessibility to breeders in Europe. In: EUROPEAN COM-
MISSION (Ed.): Genetic resources in agriculture: a summary
of the projects co-financed under Council regulation (EC)
No 1467/94. Community programme 1994-99. Office for
Official Publications of the European Communities,
Luxembourg/Luxembourg (2006) 28-31.

ANONYMOUS (INCL. H. KNÜPFER): New search portal for IPK's
genebank goes on-line. *IPGRI Newsl. for Europe* 33 (2006)
17.

ENDRESEN, D.T.F., J. BÄCKMAN, H. KNÜPFER & S. GAIJI: 3. Integra-
ting standards. 3.1. Exchange of germplasm datasets with
PyWrapper/BioCASE. In: BELBIN, L., A. RISSONÉ & A. WEITZMAN
(Eds.): Proceedings of TDWG (2006), St. Louis, MO.
Missouri Bot. Garden, St. Louis/USA (2006) 8.

FUNKE, T., S. WEISE, H. KNÜPFER & I. GROSSE: Ein neues Gesicht
für die Europäische Gerstendatenbank (EBDB). *Votr. Pflanzzücht.* 70 (2006) 79–80.

HÄNER, R., G. KLEIJER & H. KNÜPFER: ECPGR *ad hoc* triticales and
rye meeting. *IPGRI Newsl. for Europe* 33 (2006) 5.

KNÜPFER, H., Z. BULINSKA-RADOMSKA & E. BETTENCOURT: Workshop
on inventorying European cultivated plant species. *IPGRI
Newsl. for Europe* 32 (2006) 14.

KNÜPFER, H., S. DÖLL & J. VORWALD: 50 Jahre Gaterslebener
Sammelreisen – Vergleich des gesammelten Materials mit
dem jetzigen Genbankbestand. *Votr. Pflanzzücht.*
70 (2006) 54–60.

OPPERMANN, M. & H. KNÜPFER: GBIS – das neue Genbankinfor-
mationssystem am IPK. *Votr. Pflanzzücht.* 70 (2006)
47–49.

OPPERMANN, M., D. KOLLER & T. WINTERBERG: Praxiserfahrungen
mit dem Oracle Application Development Framework
(ADF). *Javaspektrum* 1/2006 (2006) 26–30.

WEISE, S., H. KNÜPFER, J. VORWALD, U. SCHOLZ & I. GROSSE: Inte-
gration von phänotypischen Daten in das Plant Data
Warehouse. *Votr. Pflanzzücht.* 70 (2006) 84–86.

Electronic Publications

KNÜPFER, H.: New search portal for IPK's genebank (Gaters-
leben, Germany) is online. (*Plant Breed. News*, 31. July
2006, edition 169). [www.fao.org/WAICENT/FAOINFO/
AGRICULT/AGP/AGPC/doc/services/pbn.html](http://www.fao.org/WAICENT/FAOINFO/AGRICULT/AGP/AGPC/doc/services/pbn.html) (2006).

Additional Publications of 2005

ELLIS, R.P., M. VETELÄINEN & H. KNÜPFER: Working group on
barley. In: LIPMAN, E., L. MAGGIONI, H. KNÜPFER, R. ELLIS,
J.M. LEGGETT, G. KLEIJER, I. FABEROVÁ & A. LE BLANC (Eds.):
Cereal genetic resources in Europe. Report of a cereals
network, 1st meeting, 3–5 July 2003, Yerevan, Armenia &
Report of a working group on wheat, 2nd meeting, 22–24
September 2005, La Rochelle, France. *IPGRI, Rome/Italy*
(2005) 17–28.

KNÜPFER, H.: Appendix I. Minutes of an *ad hoc* meeting of
the ECP/GR barley working group, 20 June 2004, Brno,
Czech Republic. In: LIPMAN, E., L. MAGGIONI, H. KNÜPFER,
R. ELLIS, J.M. LEGGETT, G. KLEIJER, I. FABEROVÁ & A. LE BLANC
(Eds.): Cereal genetic resources in Europe. Report of a
cereals network, 1st meeting, 3–5 July 2003, Yerevan,
Armenia & Report of a working group on wheat, 2nd
meeting, 22–24 September 2005, La Rochelle, France. *IP-
GRI, Rome/Italy* (2005) 212–216.

LIPMAN, E., L. MAGGIONI, H. KNÜPFER, R. ELLIS, J.M. LEGGETT,
G. KLEIJER, I. FABEROVÁ & A. LE BLANC (Eds.): Cereal genetic
resources in Europe. Report of a cereals network, 1st meet-
ing, 3–5 July 2003, Yerevan, Armenia & Report of a
working group on wheat, 2nd meeting, 22–24 September
2005, La Rochelle, France. *IPGRI, Rome/Italy* (2005) 318 pp.

Lectures, Posters and Abstracts

V106, V129, V130, V131, V132, V133, V134, V173, V186, P37,
P39, P44.

Additional Funding

For further information see the survey page 180–181.

Research Group: Plant Data Warehouse (BIC-GH Group)

Head: Prof. Ivo Große

Scientists

Grant Positions

Funke, Thomas (BMBF)

Keilwagen, Jens (BMBF)

Kuenne, Christian (BMBF)

Mielordt, Sven (BMBF, since 01.05.2006)

Mohr, Michaela (BMBF)

Seifert, Michael (BMBF, since 01.06.2006)

Thiel, Thomas (BMBF)

Goals

Development of a plant data warehouse as a flexible software platform for the integration and analysis of molecular, phenotypic, and taxonomic data as well as data on plant genetic resources from IPK-internal and world-wide distributed sources.

Research Report

The development of the **Plant Data Warehouse** is divided into three overlapping phases: (i) the development of **operative systems** for primary data generated and collected at the IPK, (ii) the development of **data marts** for the integration of data from different sources, and (iii) the development of software for the **analysis of the integrated** data. In order to provide the users of the Plant Data Warehouse with an early access to all integrated data and analysis tools, the **Plant Bioinformatics Portal** (www.bic-gh.de) was developed together with the Research Group Bioinformatics and our industry partner B.I.M.-Consulting mbH. It serves as the central point of entry and as the communication platform of the Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle. It was enriched by 10 new applications and was accessed more than 10,000 times by users from more than 40 countries since its launch on the new Application Server in March 2006.

The **Pyrosequencing Database** (PSQDB) was developed in collaboration with the Research Group Genome Diversity with the goal of supporting the development of strategies for a marker assisted management of the *Lolium* collection. The database currently holds pyrosequencing data obtained from 2,906 *Lolium* accessions. These data include sequences and primers, reference markers in barley, single

nucleotide polymorphisms, allele distributions, related accessions, user specific definitions of core collections, and associated raw data from all of the involved lab experiments. The architecture of PSQDB was developed such that data of pyrosequencing projects of other germplasm collections and other species can be managed in the future. The development of PSQDB including its graphical user interface available at <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/psqdb/> and the integration of all data was finished in June 2006 (C. Kuenne).

The **PhaSe Database** was developed in collaboration with the Research Group 'Genome Diversity' with the goal of supporting the GABI-Genoplante project 'Bridging Genomics and Genetic Diversity: Associations between Gene Polymorphism and Trait Variation in Cereals'. PhaSeDB enables the storage of all experimentally obtained data of this project together with links to already existing databases such as the IPK Molecular Marker Database *MoMa*, the IPK Sequence Database *SeqDB*, and databases for passport and characterisation & evaluation data. The development of PhaSeDB was finished in June 2006 (C. Kuenne).

The **Marker Mart** was extended to allow the integration of marker data of PSQDB and PhaSeDB and to make these data available for subsequent analyses with the Plant Data Warehouse. The integration of data from PSQDB into the Marker Mart was finished in collaboration with the Research Group Genome Diversity. The Annotation Mart was extended and filled with first data in collaboration with the Research Group Bioinformatics and our industry partner B.I.M.-Consulting mbH. The integrated data include data from *CR-EST* and *MoMa* as well as *TIGR* and *NCBI* (C. Kuenne).

The **Alignment Mart** was filled with alignments of ESTs from barley and the genome of rice in collaboration with the Research Groups Bioinformatics and Genome Diversity. The alignments were computed by the local and spliced alignment programs *Blast*, *Blat*, *GeneSeqer*, *Sim4*, and *Spidey*. A parser for the outputs of these alignment programs and a unified scoring function for alignments were developed. They ensure that all alignments can be held in the same data structure and that all subsequent analyses of the alignments can be performed irrespective of the used alignment program (T. Thiel).

The **Phenome Mart** allows the integration and analysis of characterization and evaluation data in the context of molecular, passport, and weather data. The integrated data stem from the Genebank Information System GBIS and the European Barley Database EBDB. In 2006, the Phenome Mart was extended to manage image data, and images from the **IPK Core Collection of Garlic** were integrated into the Phenome Mart in collaboration with the Research Groups *In vitro* Storage and Cryopreservation, Genebank Documentation, and Taxonomy of Plant Genetic Resources. A web application for querying these images together with

passport, phenotypic, and taxonomic data was developed in collaboration with these research groups and is available at www.bic-gh.de/gcc/ (T. Funke).

Three questions repeatedly asked in marker development are the following: Is there already a marker for my EST of interest? If yes, is it already mapped? If yes, in which population, and at which mapping position? In order to help answer these questions, the **Sequence Mapping eXplorer (SMeX)** (www.bic-gh.de/smex/) was developed as a decision-support system together with the Research Group Genome Diversity. SMeX is based on the Sequence, Marker, and Alignment Mart and provides information about markers available for all ESTs assigned to the same unigene cluster as the query EST. The integrated data include ESTs of several crop plants, cluster assignments, genetic map positions of approximately 1000 barley markers, ESTs from *NCBI*, Unigene clusters from *TIGR* and *NCBI*, and marker data from *GrainGenes*. An extension of SMeX by an **online Blast component** allows a cluster-based mapping of ESTs of one organism (e.g. wheat) to the genetic map of another organism (e.g. barley) or the cluster-based mapping of proprietary ESTs to genetic maps stored in the Plant Data Warehouse (C. Kuenne).

There are many crop plant ESTs for which no marker is available and no marker can be obtained by a cluster-based mapping approach. In such a case, a **computational mapping** based on the **synteny** to the genomic sequence of a closely related model organism may help. For example, approximately 50 % of the publicly available barley ESTs can be mapped to the barley transcript map using the synteny to rice. Specifically, a pipeline based on the spliced alignment program Spidey was developed that allows the **computational mapping** of 44 % (53 %) of the publicly available barley ESTs with an accuracy of 5 cM (10 cM). These figures were obtained using a dataset of 1000 experimentally mapped barley ESTs and a leave-one-out cross validation procedure (T. Thiel).

Resistance in barley to soil-borne Bymoviruses BaMMV and BaYMV is controlled by an allelic series of the eukaryotic translation initiation factor 4E (Hv-eIF4E). Two related questions addressed in collaboration with the Research Groups Genome Diversity and Quantitative Evolutionary Biology were: How complex is the diversity present in an *ex situ* collection for selected candidate genes? How many accessions need to be screened for revealing a new variant or for covering the complete genetic diversity? Two complementary approaches, one derived from statistics and one derived from sequence analysis and pattern recognition, were used for **predicting the diversity of the barley eIF4E gene in the entire collection** based on a subset of approximately 700 sequenced accessions. For each approach, several models were studied, and for each model its prediction power was evaluated by a 10,000-fold stratified holdout sampling procedure. Finally, it was studied to which degree different combinations of marker data, passport data, and phenoty-

pic data improve the prediction, and which subpopulations of the germplasm collection bear the greatest potential for finding haplotypes not yet sequenced (J. Keilwagen).

The trilateral project ARABIDO-SEED aims at establishing the network of seed gene expression and the analysis of its biodiversity. The program **CoMoFinder**, developed in collaboration with the Research Groups Expression Mapping, Gene Regulation, and Phytoantibodies, allows the prediction of target genes that contain a given composite motif in their promoter. CoMoFinder can read the input data from GenBank files or directly from the Sequence and Annotation Marts and is available at www.bic-gh.de/CoMoFinder/. A novel algorithm, **EMMA**, for de-novo motif discovery in unaligned sequences was implemented to aid the identification of potential transcription factor binding sites. Since de-novo motif discovery is computationally demanding, EMMA has been connected to the **Cluster Execution Framework** of the Linux Cluster at IPK. Up to 180 jobs can now run in parallel, and the execution time limit could be extended to 24 hours per job. This allows multiple parallel analyses, which may involve several hundred promoter regions of up to 1 kb. EMMA is available at www.bic-gh.de/EMMA/ (T. Funke, M. Mohr).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity; Prof. A. Graner;
Dept. of Genebank, Research Group Genebank Documentation; Dr. H. Knüpffer;
Dept. of Genebank, Research Group *In vitro* Storage and Cryopreservation; Dr. J. Keller;
Dept. of Genebank, External Branch "North"; Dr. K. Dehmer;
Dept. of Genebank, Research Group Quantitative Evolutionary Genetics; Dr. K. Schmid;
Dept. of Genebank, Research Group Taxonomy of Plant Genetic Resources; Dr. R. Fritsch;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Transcriptome Analysis; Dr. P. Schweizer;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Expression Mapping; Dr. L. Altschmied; Goup Gene and Genome Mapping; Dr. M. Röder;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumllein;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Phytoantibodies; Dr. U. Conrad;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Network Analysis; Dr. F. Schreiber.

Outside the Institute:

B.I.M.-Consulting mbH, Magdeburg; Dr. R. Paul;
 Biobase GmbH, Wolfenbüttel; Dr. A. Kel, Dr. O. Kel,
 Prof. E. Wingender;
 Humboldt University, Institute of Computer Science, Berlin;
 Prof. S. Hougardy;
 Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of
 Computer Science, Halle/S.; Prof. S. Posch;
 University of Rijeka, Rijeka, Croatia; Prof. B. Podobnik;
 Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel; Prof. I. Ben-Gal;
 University Evry Val d'Essonne, Evry, France; Prof. B. Prum;
 University of Barcelona, Barcelona, Spain; Prof. J. Cerquides;
 University Pompeu Fabra, Barcelona, Spain; Dr. R. Castelo.

Publications*Peer Reviewed Papers*

GRAU, J., I. BEN-GAL, S. POSCH & I. GROSSE: VOMBAT: prediction of transcription factor binding sites using variable order Bayesian trees. *Nucleic Acids Res.* 34 (2006) W529–W533.
 MIELORDT, S., I. GROSSE & J. KLEFFE: Data structures for genome annotation, alternative splicing, and validation. *Lect. Notes Comput. Sci.* 4075 (2006) 114–123.
 PODOBNIK, B., D.F. FU, T. JAGRIC, I. GROSSE & H.E. STANLEY: Fractionally integrated process for transition economics. *Physica A* 362 (2006) 465–470.
 VARSHNEY, R.K., I. GROSSE, U. HÄHNEL, R. SIEFKEN, M. PRASAD, N. STEIN, P. LANGRIDGE, L. ALTSCHMIED & A. GRANER: Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived SSR markers shows non-uniform distribution of genes in the barley genome. *Theor. Appl. Genet.* 113 (2006) 239–250.
 WEISE, S., I. GROSSE, C. KLUKAS, D. KOSCHÜTZKI, U. SCHOLZ, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Meta-All: a system for managing metabolic pathway information. *BMC Bioinformatics* 7 (2006) 465.

Other Publications

FUNKE, T., S. WEISE, H. KNÜPFER & I. GROSSE: Ein neues Gesicht für die Europäische Gerstendatenbank (EBDB). *Votr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 79–80.
 GROSSE, I., T. FUNKE, C. KUENNE, S. NEUMANN, A. STEPHANIK, T. THIEL & S. WEISE: Integrative Datenanalyse mit dem Plant Data Warehouse. *Votr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 50–53.
 STEPHANIK, A., H. BACHMANN, T. FUNKE, C. KÜNNE, E. LANGER, T. THIEL, S. WEISE & I. GROSSE: Das Plant Bioinformatics Portal. *Votr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 81–83.
 WEISE, S., H. KNÜPFER, J. VORWALD, U. SCHOLZ & I. GROSSE: Integration von phänotypischen Daten in das Plant Data Warehouse. *Votr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 8'–86.

Additional Publications of 2005

VARSHNEY, R.K., U. HÄHNEL, T. THIEL, N. STEIN, L. ALTSCHMIED, P. LANGRIDGE & A. GRANER: Genetic and physical mapping of genic microsatellites in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Czech J. Genet. Plant Breed.* 41 (2005) 153–159.

Lectures, Posters and Abstracts

V72, V73, V74, V75, V76, V77, V78, V79, V80, V81, V82, V83, V84, V85, V86, V87, V112, V113, V135, V136, V168, V172, V228, V266, V267, V268, P8, P44, P56, P57, P58, P89, P90, P91, P121, P122, P123, P125, P186, P194, P195, P205, P206, P216.

Additional Funding

For further information see the survey page 181.

Program: Management & Evaluation

Research Group: Resources Genetics and Reproduction

Head: Dr. Andreas Börner

Scientists

IPK financed

Dittbrenner, Anke (P)
Dobrovolskaya, Oxana (Annex, till 28.02.2006)
Landjeva, Svetlana, Dr. (Annex, 01.04.–30.04.2006)
Lohwasser, Ulrike, Dr. (P, since 01.02.2006)
Navakode Gangadharan, Sheeba (P)
Weidner, Annette, Dr. (Annex, since 01.04.2006)

Grant Positions

Landjeva, Svetlana, Dr. (BMBF, 01.02.–31.03.2006; LSA, 01.05.–31.07.2006)
Lohwasser, Ulrike, Dr. (BMBF/BMELV, till 31.01.2006)
Neumann, Kerstin (LSA)
Weidner, Annette, Dr. (BMBF/BMELV, till 31.01.2006)

Visiting Scientists

Bálint, András (DAAD, 17.09.–16.12.2006)
Daniel, Isaac O., Dr. (Scholarship of Humboldt-Foundation, 16.12.–31.12.2006)
Iqbal, Nayyer (Georg-Forster-Scholarship of Humboldt-Foundation, till 30.06.2006)
Schlönvoigt, Michael, Dr. (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)
Szira, Fruzsina (DAAD, 17.11.–22.12.2006)
Tikhenko, Natalia, Dr. (DFG, 09.02.–08.07.2006)
Weidner, Annette, Dr. (self-financed, 01.02.–31.03.2006)
Zaynali Nezhad, Khalil (Iranian government)

Scholars

Akter, Khaleda (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)
El Shal, Mohamed (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)
Kenea, Guluma Fekuda (InWEnt, 01.07.–15.09.2006)
Van Nien, Dang (InWEnt, 01.07.–15.09.2006)

Goals

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

Research Report

The total number of accessions maintained at the Gatersleben site comprises 128,263 samples, of which 122,225 are preserved in the cold store. Safety duplicates were prepared for 2,684 accessions. For performing germination tests 7,957 samples were used. To users 11,080 accessions (excluding the External Branch) were distributed, two third of which were provided for research institutes including IPK (S. Pistrick, A. Börner). During the growing season 2005/2006 a total of 8,444 accessions was cultivated, including 1,312 samples used for evaluation only. A taxonomic classification was performed for 3,408 accessions. Descriptor lists were created or revised for the cereals including the genera *Triticum*, *Hordeum*, *Secale*, *Avena*, *Zea* and *Triticale* (M. Grau, U. Lohwasser).

The collection-related research was focused on **seed longevity studies**. Seeds of selected species maintained under ambient storage conditions (storage at room temperature) were investigated. The viability of the seeds was species specific but influenced by the genotype and environmental conditions of the year of multiplication. Highest survival rates were obtained for legumes. *Pisum sativum* L. can be stored up to 20 years. Much lower longevities were observed for vegetables, where e. g. *Allium schoenoprasum* L. and *Lactuca sativa* L. lost their viability after 4 and 5 years, respectively (Fig. 15a, p. 39). Within the cereals highest viability was detected for *Zea mays* L., followed by *Hordeum vulgare* L., *Avena sativa* L., *Triticum aestivum* L. and *Secale cereale* L. (Fig. 15b, p. 39). The germination rates obtained in the lab correlated with the seedlings emergences in the field (M. Nagel, S. Pistrick, A. Börner).

The evaluation activities focusing on **abiotic and biotic stress tolerance** in cereals were continued. Mapping populations of wheat and barley were phenotyped for tolerance against drought, salt, metals and pre-harvest sprouting. Major QTLs were detected at different growth stages in repeated experiments. Beside stress specific loci, comparable genomic regions responsible for different stresses were detected (K. Neumann, A. Bálint, F. Szira, K. Zaynali Nezhad, A. Weidner, S. G. Navakode, U. Lohwasser).

In co-operation with the Research Group Gene and Genome Mapping the **molecular tagging of genes/QTLs** controlling 'stress escape' traits was performed. Homoeologous series determining the pubescence of different plant organs were detected on the group 4 (see Fig. 12, p. 23) and 7 chromosomes of Triticeae species (O. Dobrovolskaya, M.S. Röder, A. Börner). With respect to biotic stress, bread wheat/*Aegilops markgrafii* introgression lines expressing leaf rust resistance were investigated. The content of introgressed segments was assessed with the help of chromosome-specific SSRs. One QTL for leaf rust resistance (*QLr.ipk-2A*) originating from *Ae. markgrafii*, maps to the distal segment of chromosome arm 2AS (N. Iqbal, E. Khlestkina, M.S. Röder, A. Weidner).

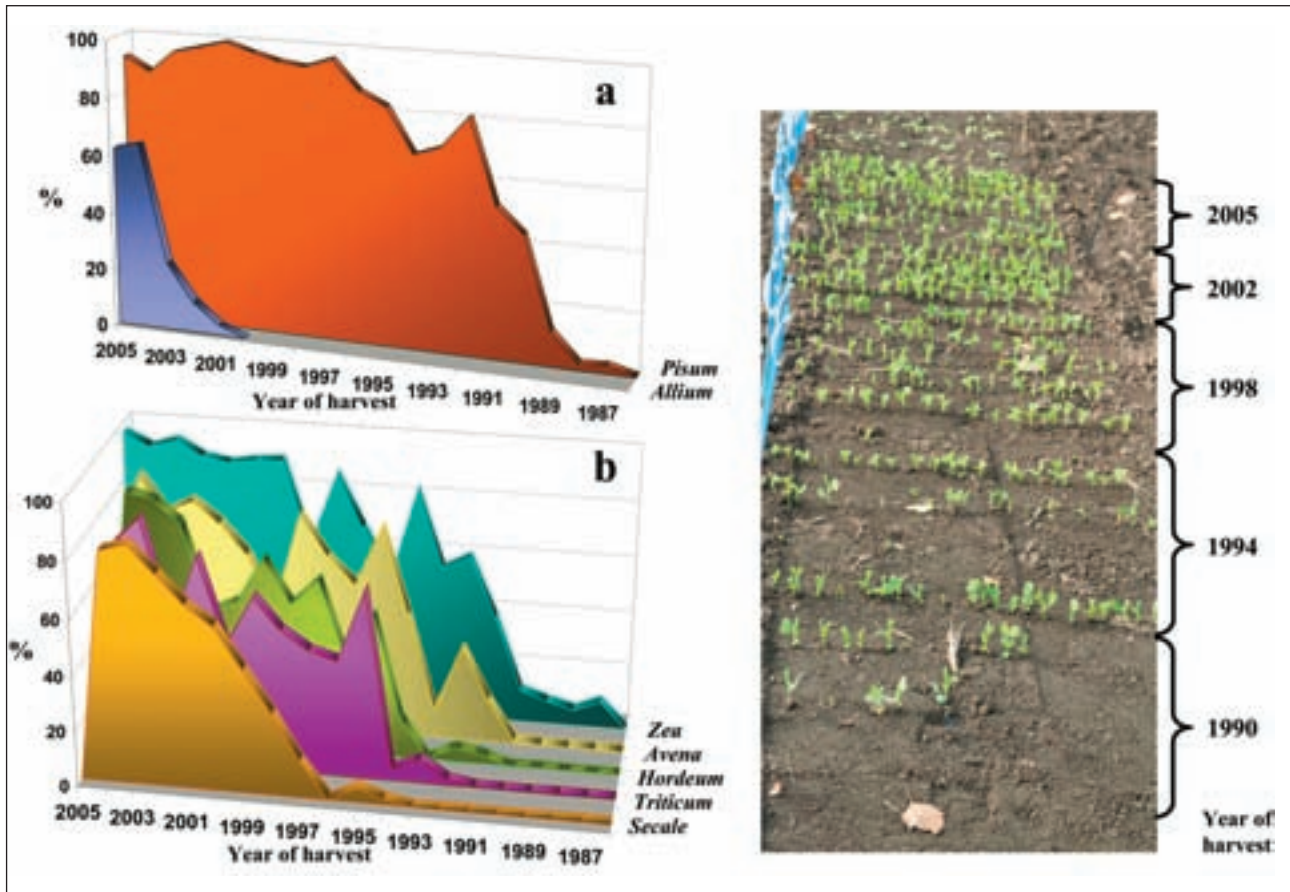


Fig. 15: Germinabilities in per cent of (a) *Pisum sativum* L. and *Allium schoenoprasum* L.; (b) *Zea mays* L., *Avena sativa* L., *Hordeum vulgare* L., *Triticum aestivum* L. and *Secale cereale* L. (left) and field performance of *Pisum sativum* L. (right) maintained under ambient storage conditions (M. Nagel, P. Schreiber, A. Börner).

Supplementary, **characterisation and evaluation activities** were directed to *Papaver somniferum* L. and *Coriandrum sativum* L. Morphological field evaluations of 300 *Papaver* and 380 *Coriandrum* accessions representing the Gatersleben collections were followed by biochemical analyses (oil and alkaloid contents). In addition to the chemotaxonomic investigations molecular studies with AFLPs were initiated in order to verify the taxonomy of the subspecies and varieties (A. Dittbrenner, R. Kurch, U. Lohwasser, H.-P. Mock, F. Blattner).

Starting by the end of last year a **Quality Management System** according to the international standard DIN EN ISO 9001:2000 is now under development. It covers procedure and work instructions for each working group in order to ensure a smooth working flow and to have well documented operational procedures. For the group resources genetics and reproduction five procedure instructions are described, seed reproduction, handling of new seed material, maintenance of vegetative plant material, pollination, and taxonomical determination of the genebank material. Of particular importance for the whole genebank is a procedure instruction to prevent the admixture of genetically modified organisms into the genebank material. The effec-

tiveness of the quality management system will be measured by an external audit in April 2007. This results in a third party certification (U. Lohwasser, A. Graner, A. Börner).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity; Prof. A. Graner;
 Dept. of Genebank, Research Group Genebank Documentation; Dr. H. Knüpfper, M. Oppermann;
 Dept. of Genebank, Research Group *In vitro* Storage and Cryopreservation; Dr. J. Keller;
 Dept. of Genebank, Research Group External Branch "North"; Dr. K.J. Dehmer, E. Willner;
 Dept. of Genebank, Research Group Experimental Taxonomy; Dr. F. Blattner;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Gene and Genome Mapping; Dr. M. Röder;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry, Dr. H.-P. Mock.

Outside the Institute:

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Institute of Plant Analysis, Quedlinburg; Prof. H. Schulz, Dr. W. Schütze;

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute for Plant Breeding and Plant Protection, Halle/S.; Prof. W.E. Weber, Dr. E. Schumann;

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Geobotany and Botanical Garden, Halle/S.; Prof. M. Röser;

University of Hohenheim, Seed Science and Technology, Stuttgart-Hohenheim; Prof. M. Kruse;

Fa. Lochow-Petkus GmbH, Bergen; Dr. V. Korzun;

Fa. Nordsaat, Böhnshausen; Dr. R. Schachschneider;

Fa. Monsanto Agrar Deutschland GmbH, Silstedt; A. Fürste;

Fa. Plant Breeding GmbH, Gülzow; Dr. G. Melz;

John Innes Centre, Cereals Research Department, Norwich, UK; Prof. J.W. Snape;

St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia; Dr. A. Voylokov, Dr. N. Tikhenko;

Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russia; Dr. E. Salina, Dr. T. Pshenishnikova, Dr. E. Khlestkina, Dr. O. Dobrovolskaya;

Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Martonvasar, Hungary; Dr. G. Galiba, Dr. A.F. Bálint;

South Plant Biotechnology Centre, Odessa, Ukraine; Dr. S. Chebotar;

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, La Plata, Argentina; Dr. A.M. Castro, Dr. M.R. Simón;

Centre for Genetic Resources the Netherlands (CGN), Wageningen, The Netherlands; Dr. C. Kik, I. Boukema;

Institute of Field and Vegetable Crops, University of Novi Sad, Novi Sad, Yugoslavia; Dr. B. Kobiljski;

Leopold Franzens University Innsbruck, Institute of Pharmacy, Dept. of Pharmacognosy, Innsbruck, Austria; Prof. C. Zidorn.

Publications

Peer Reviewed Papers

BÖRNER, A.: Preservation of plant genetic resources in the biotechnology era. *Biotechnol. J.* (2006) 1393–1404.

BÖRNER, A., U. FREYTAG & U. SPERLING: Analysis of wheat disease resistance data originating from screenings of Gatersleben genebank accessions during 1933 and 1992. (Erratum: *Genet. Resour. Crop Evol.* 53 (2006) 1307). *Genet. Resour. Crop Evol.* 53 (2006) 453–465.

CHEBOTAR, S.V., A. BÖRNER & Y.M. SIVOLAP: Dwarfing genes in Ukrainian bread wheat varieties. *Cytology & Genetics* 40 (2006) 12–23.

DOBROVOLSKAYA, O., V.S. ARBUZOVA, U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Microsatellite mapping of complementary genes for purple grain colour in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 150 (2006) 355–364.

KHLESTKINA, E.K., T.A. PSHENICHNIKOVA, M.S. RÖDER, E.A. SALINA, V.S. ARBUZOVA & A. BÖRNER: Comparative mapping of genes for glume colouration and pubescence in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 113 (2006) 801–807.

KHLESTKINA, E.K., M.S. RÖDER, H. GRAUSGRUBER & A. BÖRNER: A DNA fingerprinting-based taxonomic allocation of Kamut wheat. *Plant Genet. Resour.* 4 (2006) 172–180.

KHLESTKINA, E.K., R.K. VARSHNEY, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: A comparative assessment of genetic diversity in cultivated barley collected in different decades of the last century in Austria, Albania and India by using genomic and genic simple sequence repeat (SSR) markers. *Plant Genet. Resour.* 4 (2006) 125–133.

PESTSOVA, E.G., A. BÖRNER & M.S. RÖDER: Development and QTL assessment of *Triticum aestivum*-*Aegilops tauschii* introgression lines. *Theor. Appl. Genet.* 112 (2006) 634–647.

PSHENISHNIKOVA, T.A., M.F. ERMOKOVA, A.K. CHISTIYAKOVA, L.V. SHCHUKINA, A. BÖRNER & M.S. RÖDER: Molecular mapping of loci associated with quality of bread wheat grain. *Agric. Biol.* 5 (2006) 41–47.

Books and Book Chapters

BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005, Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 143 pp.

Other publications

BÁLINT, A.F., M.S. RÖDER, R. HELL, G. GALIBA, J. SUTKA & A. BÖRNER: Cereals with better heavy metal tolerance and nutritional value: physical and genetic mapping of copper tolerance and shoot micronutrient content in wheat. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 55–58.

BÖRNER, A., O. DOBROVOLSKAYA, E.K. KHLESTKINA, U. LOHWASSER, S. NAVAKODE, M.S. ROEDER, V. SCHUBERT, A. WEIDNER & K. ZAYNALI NEZHAD: Items from Germany, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK). *Annu. Wheat Newsl.* 52 (2006) 24–27.

BÖRNER, A., O.B. DOBROVOLSKAYA, U. SALEH, L. MALYSHEVA-OTTO & M.S. RÖDER: Wege zum markergestützten Sortimentsmanagement. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 39–46.

BÖRNER, A., V. KORZUN, E.K. KHLESTKINA, O.B. DOBROVOLSKAYA, T.A. PSHENICHNIKOVA, A.M. CASTRO & M.S. RÖDER: Genetic stocks in the 21st century - waste or important tool?. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production

- Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 17–22.
- BÖRNER, A., V. KORZUN, T.A. PSHENICHNIKOVA & J.W. SNAPE: Ongoing and future co-operation within EWAC – business meeting. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 142–143.
- CHEBOTAR, S.V., P. SOURDILLE, M. BERNARD, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Analysis of Ukrainian wheat varieties by using diagnostic marker for *Yrns-B1*. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 46–51.
- GRANER, A. & A. BÖRNER: Quest for seed immortality is mission impossible. *Nature* 442 (2006) 353.
- KHLESTKINA, E.K., X. HUANG, R.K. VARSHNEY, S. CHEBOTAR, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: Comparative studies of genetic diversity in wheat and barley germplasm collected at different time periods. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 94–97.
- KHLESTKINA, E.K., M.S. RÖDER, O. UNGER, A. MEINEL & A. BÖRNER: Non specific adult plant disease resistance against stripe rust (*Puccinia striiformis*) – fine mapping and origin of *Yrns-B1*. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 129–133.
- LOHWASSER, U.: Koriander im Vergleichsanbau als Herbst- und Frühlingsaussaat zur Untersuchung der morphologischen und inhaltsstofflichen Variabilität. In: VEREIN FÜR ARZNEI- & GEWÜRZPFLANZEN SALUPLANTA (Ed.): 16. Bernburger Winterseminar zu Fragen der Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion: 21.02.–22.02.2006 – Programm. Verein für Arznei- und Gewürzpflanzen SALUPLANTA, Bernburg (2006) 23–24.
- LOHWASSER, U., A. DITTBRENNER, R. KURCH & A. BÖRNER: Schlafmohn und Koriander – zwei alte Kulturpflanzen. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 87–89.
- LOHWASSER, U., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Influence of environmental conditions on detecting QTLs for the traits pre-harvest sprouting and dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.). In: Börner, A., K. Pánková & J.W. Snape (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 102–104.
- NAVAKODE, S., R.K. VARSHNEY, A. GRANER & A. BÖRNER: Screening OWB population for aluminium tolerance. In: Börner, A., K. Pánková & J.W. Snape (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 104–106.
- NAVAKODE, S., A. WEIDNER, U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Analyzing wheat/*Aegilops tauschii* Coss. introgression lines for aluminium tolerance. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 107–109.
- PERMYAKOVA, M.D., V.A. TRUFANOV, A.V. PERMYAKOV, T.A. PSHENICHNIKOVA, M.F. ERMAKOVA, A.K. CHISTYAKOVA & A. BÖRNER: Relationship between specific lipoxigenase activity and technological characteristics of gluten in recombinant inbred lines of the ITMI mapping population. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney Norwich/UK (2006) 113–117.
- PSHENICHNIKOVA, T.A., A. BÖRNER, O.B. DOBROVOLSKAYA, E.K. KHLESTKINA, M. RÖDER & M.F. ERMAKOVA: The use of precise genetic stocks for gene mapping: results obtained within EWAC. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June–1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 13–17.
- SZIRA, F., A. BÁLINT, G. GALIVA, R.K. VARSHNEY & A. BÖRNER: Mapping of QTLs for drought tolerance in barley at different developmental stages. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 113–115.
- WEIDNER, A., S. HAKIZIMANA, C. CHAMBA, J. KANTHUNGO, A. HAASE & A. BÖRNER: Weizen-Herkünfte aus dem Gaterslebener Genbanksortiment als Ausgangsmaterial für die Züchtung auf Salztoleranz. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 105–106.
- WEIDNER, A., R.K. VARSHNEY, G.H. BUCK-SORLIN, N. STEIN, A. GRANER & A. BÖRNER: QTLs for salt tolerance in three different barley mapping populations. In: BÖRNER, A., K.

PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 51–55.

ZAYNALI NEZHAD, K., U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Primary results from studies of post anthesis drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). Votr. Pflanzenzücht. 70 (2006) 90–92.

PhD and Diploma Thesis

BÁLINT, A.: A búza réztoleranciáját és a hajtás Cu-, Fe-, Mn- és Zn-koncentrációját befolyásoló lókuszok térképezése. [Mapping of loci influencing the copper tolerance and shoot Cu, Fe, Mn and Zn concentrations of wheat. (PhD Thesis)] Universitát of Szeged, Szeged/Hungary (2006) 128 pp.

Lectures, Posters and Abstracts

V29, V31, V37, V38, V39, V40, V51, V52, V53, V151, V152, V153, V154, V174, V175, V176, V177, V178, V179, V180, V303, V304, V305, P34, P35, P36, P45, P46, P81, P105, P106, P128, P129, P130, P131, P193, P197, P201, P212, P213, P214, P222, P224.

Additional Funding

For further information see the survey page 181–182, 192.

Research Group: *In vitro* Storage and Cryopreservation

Head: Dr. Joachim Keller

Scientists

IPK financed

Kaczmarczyk, Anja (P)

Grant Positions

Kästner, Ute, Dr. (BMBF, since 01.10.2006)

Visiting Scientists

Lupysheva, Yulia (DFG, 01.08.-29.10.2006)

Shvachko, Nataliya (DFG, 11.05.-07.08.2006)

Tikhenko, Natalia, Dr. (DFG, 15.03.-30.06.2006)

Goals

In vitro maintenance of vegetatively propagated genebank accessions, cryopreservation of potato, garlic, and mint. Research on tissue water conditions and cold adaptation connected with influence of ultra-low temperatures on plant organs.

Research Report

Accessions of the genera *Allium*, *Antirrhinum*, *Artemisia*, *Brassica*, *Dioscorea*, *Mentha*, *Orthosiphon*, and *Sechium* are in the *in vitro* maintenance in total comprising 553 lines. Amongst them, 85 clones of garlic and 32 of shallot are maintained virus-free.

The potato cryopreservation research programme was continued. The focus was again on cold preculture with constant or alternating temperatures. The wild frost-resistant species *Solanum acaule* was compared with *S. tuberosum* 'Desiree'. Biochemical analyses on soluble sugars, starch, osmolality and amino acid concentrations were performed. Osmolality and total soluble sugars were, in general, higher for *S. acaule* than for *S. tuberosum*. The increase in sugar concentration in the shoot tips of both accessions after cold preculture could be the reason for the better regeneration after cryopreservation. Microscopic analyses showed that, after rewarming, the cells in the meristematic dome were severely damaged, whereas some cells in the leaf primordia survived the procedure and are most probably the origin for regenerating shoots. Comparisons were conducted between *in vitro* and field plants with respect to their cold to-

lerance and adaptation. Pot-grown wild potatoes have a stronger cold tolerance than *S. tuberosum*. The latter does not have acclimation capacity. Such differences could not be found within *in vitro* plantlets. Obviously frost tolerance does not directly correlate with cryopreservation results, probably because different physiological mechanisms exist. The experiments were done partly within a bilateral DFG project with VIR, St. Petersburg. The cryo-collection of potato was rationalized finally eliminating the duplicates from the former Braunschweig collection. It is now amounting to 1004 clones (A. Kaczmarczyk, M. Gröhe).

In *Allium*, the cryopreservation activities were extended to other species. The collection of garlic recently established in cryopreservation amounts to 39 accessions (J. Keller, D. Büchner). The transfer of virus-free garlic material into protected greenhouse and field conditions continued. Virus-free material was provided to the cryopreservation routine (J. Keller, D. Büchner, A. Senula).

The droplet vitrification method developed in 2005 for mint, was used routinely for cryopreservation of cold-hardened plants. A number of 16 accessions from 6 species were introduced with 200 explants each. Regeneration rates varied between 30 and 98 %. Independent of the species, sometimes relatively high variation was found in the regeneration levels within the same accessions. One of the reasons for this was the systemic infection of the donor plants with endophytic bacteria, which reduced or prevented regeneration. Therefore, bacteria-screening tests of the donor plants were introduced prior to cryopreservation. Furthermore, the influence of antibiotics in the recovery medium was tested. First comparative tests were performed between two Labiatae genera (*Mentha* and *Orthosiphon*), the latter one coming from tropical and subtropical conditions. So far no regeneration could be obtained after cryopreservation of the tropical species (A. Senula).

A new proposal to coordinate an EU-funded GENRES project on garlic and shallot was elaborated, submitted and confirmed to be started in 2007. In conclusion of a previous EU GENRES project on *Allium* and in preparation of the new one, an image database of garlic has been implemented and prepared for the official IPK website in collaboration with the Research Group Plant Data Warehouse (J. Keller, A. Senula, T. Funke, S. Weise, I. Große, Fig. 16, p. 44).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity;

Prof. A. Graner;

Dept. of Genebank, Research Group Genebank Documentation; Dr. H. Knüpfper, M. Oppermann;

Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse; Dr. I. Große, T. Funke, S. Weise;



Fig. 16: Main features of the new garlic image database: Left side entrance portal (above) and screening page (below); right side the general appearance of an accession (example All 290), images arranged in five groups: 1) outside view, 2) bulb structure, 3) field pictures, 4) inflorescence, 5) other images. The pictures are followed by passport data, characterisation data and an indication of the isozyme/RAPD groups (Maaß & Klaas 1995). For some accessions, ontogenesis is demonstrated in specially linked PDF files (example All 0499, marked by an arrow) (E.R.J. Keller, A. Senula, H. Ernst, M. Langbein, D. Büchner, T. Funke).

Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and Reproduction; Dr. A. Börner;
 Dept. of Genebank, Research Group External Branch "North"; Dr. K.J. Dehmer;
 Dept. of Genebank, Research Group Taxonomy of Plant Genetic Resources; Dr. R. Fritsch;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M.-R. Hajirezaei;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry Dr. H.-P. Mock;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer, Dr. T. Rutten.

Outside the Institute:

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Institute of Plant Analysis, Quedlinburg; Prof. H. Schulz, Dr. K. Ziegert;
 Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Central Infrastructure Group Transcript Profiling, Golm; Dr. D.K. Hinch;

German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Braunschweig, Dr. H.-M. Schumacher;
 University of Warwick, Genetic Resources Unit, Wellesbourne, UK; Dr. D. Astley;
 International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Bioversity International, Rome, Italy; L. Maggioni;
 Institute of Plant Production Research VIR, St. Petersburg, Russia; Prof. T. Gawrilenko.

Publications

Peer Reviewed Papers

- KELLER, E.R.J., A. SENULA, S. LEUNUFNA & M. GRÜBE: Slow growth storage and cryopreservation – tools to facilitate germ-plasm maintenance of vegetatively propagated crops in living plant collections. *Int. J. Refrig.* 29 (2006) 411–417.
- KRYSZCZUK, A., J. KELLER, M. GRÜBE & E. ZIMNOCH-GUZOWSKA: Cryopreservation of potato (*Solanum tuberosum* L.) shoot tips using vitrification and droplet method. *J. Food Agric. Environm.* 4 (2006) 196–200.
- ZIEGERT, K., W. SCHÜTZE, H. SCHULZ, M. KEUSGEN, F. GUN & E.R.J. KELLER: Efficient determination of cysteine sulphoxides in *Allium* plants applying new biosensor and HPLC-MC² methods. *J. Appl. Bot. Food Qual.* 80 (2006) 31–35.

Other Publications

- ASTLEY, D., N. BAS, J. KELLER & E. ROSA: AEGIS discussions for *Allium* and *Brassica* subgroups in Prague. *IPGRI Newsl. for Europe* 32 (2006) 10–11.
- KELLER, E.R.J.: Die Erhöhung von Effektivität und Sicherheit bei der Erhaltung permanent vegetativer Genbank-Akzessionen durch *In vitro*-Kulturen und Kryokonservierung. *Votr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 16–26.
- KELLER, J. & D. ASTLEY: Rich genepool of vegetatively propagated *Allium* L. in Europa. *IPGRI Newsl. for Europe* 32 (2006) 7.
- ZIEGERT, K., E.R.J. KELLER & H. SCHULZ: Screening von *Allium* Genbank-Akzessionen hinsichtlich ihres Gehaltes an Wertkomponenten. *Votr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 121–123.

Additional Publications of 2005

- KELLER, E.R.J.: Improvement of cryopreservation results in garlic using low temperature preculture and high-quality *in vitro* plantlets. *CryoLetters* 26 (2005) 357–366.

Lectures, Posters and Abstracts

V108, V114, V115, V116, V117, V118, V119, V120, V121, V122, P44, P75, P76, P77, P178, P225.

Additional Funding

For further information see the survey page 182.

Research Group: External Branch "North"

Head: Dr. Klaus J. Dehmer

Scientists

IPK financed

Wiedemann, Sabine, Dr. (Annex, till 19.06.2006)*
Willner, Evelin (P)

Scholars

Kazoora, Suzan (InWEnt, 13.03.-01.09.2006)
Torrico Veliz, Rosalia (InWEnt, 13.03.-12.09.2006)

Goals

Collection, conservation, characterization, evaluation, service, documentation and research activities of/on potato, oil and fodder crop plant genetic resources

Research Report

Besides a newly established collection of clonally propagated genotypes of Andean or equatorial origin (AKS; 470 entries, mainly seven cultivated species), the two major **Groß Lüsewitz potato collections** (GLKS; K.J. Dehmer) contain 2,590 cultivars and breeding lines of *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* (KKS, vegetatively propagated) and 2,855 accessions of 139 wild and cultivated species from Central and South America (WKS, propagated as populations via seeds); the total is **5,915 accessions and 140 species**. 599 KKS and 30 AKS samples were cultivated in the field (10 plants each), and 238 WKS accessions (207 from seedlings, 31 from tubers) were sexually propagated in the greenhouse. Via *in vitro* cultivation, 2,231 KKS and 470 AKS accessions are maintained, while about 1000 KKS entries are cryopreserved at IPK Gatersleben (Research Group *In vitro* Storage and Cryoconservation).

Tubers of a total of 320 KKS entries were cultivated for the **evaluation** of their crisping quality, while tuber material of 24 selected accessions was propagated for the stability research project conducted at Gatersleben; another 117 accessions (20 plants each) with Bolivian origin were pre-cultured in the greenhouse and later transplanted to the field (see below).

According to virus tests, **2,413 *in vitro* samples** are **free of** the six most common potato viruses. The Plant Protection Offices at Hannover and Rostock tested GLKS potato mate-

rial for quarantine viruses (267 accessions), quarantine bacteria (213), and PSTVd (413).

Evaluations were carried out for resistance to *Globodera pallida* (46 WKS accessions/187 genotypes, State Plant Protection Office Rostock), *Phytophthora infestans* on tubers and leaves (110 WKS accessions/471 genotypes and appr. 110 WKS accessions, respectively; BAZ/ILK) and for **chipping quality** (320 KKS accessions). **1,514 genebank accessions** were distributed to **207 requestors**. In preparation for the ISO certification of the IPK genebank, the respective procedure outlines were compiled and documented for the potato collections.

In an InWEnt financed research project, DNAs from **117 accessions of endemic Bolivian potato species** were extracted and SSR fingerprinted; the preliminary results indicate **varying level of within accession polymorphisms** (R. Torrico Veliz). Regarding the continuation of research into duplicate identification in the KKS, **efforts were started to homologize SSR marker sets for germplasm characterisations on an international level**, aiming at a **comparability of results across collections** (K.J. Dehmer).

The **oil plants and fodder crops collections at Malchow** (E. Willner) maintain **13,961 accessions** (2,437 samples of oil plants, 10,300 fodder grasses, 1,224 forage legumes). In 2006, a total of 1,757 accessions were cultivated, either for multiplication (870) and/or characterisation (1,688) or evaluation (50). **Characterisations** were performed on 1,429 grass accessions, 259 samples of rape, mustard or forage kale accessions for an initial description of their morphological and phenological traits as well as for the confirmation of their botanical classification. Field **evaluations** were carried out for *Lolium perenne* (50 accessions); here, European collection material was compared to standard varieties for trait variability and/or green matter yield.

Germination tests were conducted for 2,552 accessions. According to FAO genebank standards, 50 % of the whole Malchow collection is **stored as an active and base collection with safety duplicates** at IPK Gatersleben (6,785 accessions), while 89 % of whole collection is available for seed requests. A total of **797 samples were provided to 40 users**. The **European Central Poa Database** (<http://poa.ipk-gatersleben.de>) was further advanced, containing passport data of 5,077 accessions from 38 *Poa* species. These originate from 55 different countries and are maintained at 20 institutes in 17 European countries. Furthermore, ISO conform procedure outlines for the oil plants and fodder crops collections were compiled and documented as a basis for IPK's future ISO certification.

In respect to the improvement of the botanical composition of the Malchow collections, a **European plant exploration for Poa species** was organized and carried out in a project with U.S. scientists. During the collection trip to the **Czech Republic and South Eastern Germany**, a total of **345 accessions** (CZE: 52 seed accessions; DEU: 293 seed and/or clonal

* working place Gatersleben, Research Group Genome Diversity

accessions) from 122 sites **were obtained**. A collaborative project on SNP fingerprinting of the complete *Lolium* collection was completed (for details see report of Research Group Genome Diversity). A further increase in the number of accession resulted from the transfer to Malchow of varieties no longer listed on the official variety list from the Federal Seed Board (108 cultivars).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity;
Prof. A. Graner, Dr. T. Sretenovic Rajcic, C. Wiedow;
Dept. of Genebank, Research Group Genebank Documentation; Dr. H. Knüppfer, S. Flemming, M. Oppermann, J. Vorwald;
Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse;
Dr. I. Große, C. Künne;
Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and Reproduction; Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser;
Dept. of Genebank, Research Group *In vitro* Storage and Cryopreservation; Dr. J. Keller;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz, S. Weise.

Outside the Institute:

Agricultural Research Institute Mecklenburg-Vorpommern, Institute for Animal Production, Dummerstorf;
Dr. H. Jänicke;
Chamber of Agriculture, Plant Protection Office, Hannover;
Dr. V. Zahn;
Euro Grass Breeding, Hof Steimke; Dr. U. Feuerstein;
Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Institute of Abiotic Stress Tolerance (IST), Groß Lüsewitz; Dr. Badani-Dehmer, Dr. C.B. Wegener;
Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Institute of Agricultural Crops (ILK), Groß Lüsewitz; Dr. U. Darsow, Dr. H. Lellbach, Dr. N. Thieme;
Federal Biological Research Centre for Agriculture and Forestry (BBA), Institute for Plant Protection in Field Crops and Grassland, Braunschweig/Kleinmachnow;
Dr. K. Flath, Dr. F. Niepold;
Information and Coordination Centre for Biological Diversity (IBV), Bonn; Dr. F. Begemann, S. Harrer;
Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Plant Breeding, Halle/S.; Prof. W.E. Weber;
Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne;
Dr. C. Gebhardt;
NORIKA Kartoffelzucht- und Vermehrungs GmbH, Groß Lüsewitz; Dr. H. Junghans;
Saatzucht Steinach GmbH, Steinach and Bornhof;
Dr. F. Eickmeyer, P. Berner;
State Plant Protection Office of Mecklenburg-Vorpommern, Rostock; Dr. I. Wulfert, Dr. J. Kruse;
APIC potato genebanks, e.g. CGN, VIR, CIP, Sturgeon Bay;
ECP/GR Working Group on Forages; ECP/GR Working Group on Potatoes;

Centre for Genetic Resources The Netherlands (CGN), Wageningen, The Netherlands; Ir. R. Hoekstra;
Swiss Federal Research Station for Agroecology and Agriculture, FAL Reckenholz, Zurich, Switzerland;
Dr. B. Boller.

Publications

Other Publications

GRANER, A. & K.J. DEHMER: Genetische Diversität in Genbanken und deren züchterische Verfügbarkeit. In: CHRISTEN, O., F. ISERMEYER, H. FLESSA, V. HOFFMANN, E. KALM & A. OTTE (Eds.): Züchtungsforschung zwischen Wettbewerbsfähigkeit, Ressourcenschutz und Verbrauchererwartungen. (Agrar Spectrum; 39). DLG, Frankfurt/M. (2006) 61–71.

PhD and Diploma Thesis

ANDREEVA, K.: Erschließung genetischer Ressourcen der Wiesenrispe für die Gräserzüchtung durch Analyse wichtiger Merkmalsausprägungen. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006) 118 pp.
WIEDOW, C.: Characterization of phenotypic and molecular diversity in offsprings of *Malus sieversii* (Ledeb.) Roem. as basis for a core collection of apple genetic resources. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006) 146 pp.

Lectures, Posters and Abstracts

V45, V46, V47, V48, V49, V50, V285, V286, V287, P29, P30, P44, P186.

Additional Funding

For further information see the survey page 182.

Program: Taxonomy & Evolution

Research Group: Experimental Taxonomy

Head: Dr. Frank Blattner

Scientists

IPK financed

Baier, Christina (P, since 01.05.2006)

Jakob, Sabine (P)

Grant Positions

Pleines, Thekla (DFG)

Visiting Scientists

Bachmann, Konrad, Prof. (self-financed, since 24.05.2006)

Achigan-Dako, Enoch (DAAD, since 01.04.2005)

Guicking, Daniela (University Kassel, 15.05.–19.05.2006)

Prinz, Kathleen (University Kassel, 15.05.–19.05.2006)

Scholars

Meng, Chu Chun (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)

Goals

Development and application of molecular marker methods and the identification, characterisation and phylogenetic classification of crops and their wild relatives. Experimental studies to link **molecular markers** and **phylogenetic data** with taxonomically and agronomically significant characters, and to analyse **plant-environment interdependency** on the species level.

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. These characters (e. g., abiotic stress tolerance) influence the ecological niches of organisms and are often also **important agronomical traits**. Thus, the study of naturally occurring gene-

tic diversity in wild species could show ways to breed improved crops for changing environmental conditions.

In *Hordeum*, we analysed the chloroplast diversity in a large number of individuals, covering all species of the genus and the distribution areas of these species (Jakob and Blattner 2006). These data, which were analysed for historical differences (region-specific speciation or extinction rates) and are now used as a guideline for phylogeographic analyses in several monophyletic species groups within *Hordeum*. Within these groups we are looking for footprints of speciation processes and can discern allopatric (**geographical isolation**) from putative sympatric or parapatric speciation (without geographical barriers). Particularly three South American species, occurring today sympatrically in southern Patagonia, and diploid and polyploid species and cytotypes of the North American *H. brachyantherum* group are currently in the focus of our work (S. Jakob, T. Pleines, F. Blattner).

In a greenhouse experiment, where we grow three closely related **sympatric species** of *Hordeum*, which might be examples for **ecological speciation**, we simulate **niche differences** along **salt and drought gradients**. This experiment combines a competition approach with different soil parameters with a common garden experiment. First results prove that some species-specific differences in their ecological niche use (salt vs. drought stress) are inheritable and are maintained in the greenhouse (T. Pleines, S. Jakob, F. Blattner).

For the Mediterranean *Hordeum marinum* group we complemented phylogeographical analyses by modeling of the climatic niches of the species. These revealed pronounced differences between diploid and tetraploid cytotypes of *H. gussoneanum*. While the diploid is mainly restricted to habitats within the Mediterranean basin, the polyploid extended its habitat into continental areas, climatically quite different from that of the diploid progenitor. The method proved to be useful for range predictions and will be extended to other species groups of *Hordeum* (S. Jakob).

Cucurbitaceae provide an important group of **crop species** in Western **African countries**. They are used as oil seeds, fruits, and vegetable. As not much is known about biological and genetic diversity, properties of the plants, and conservation status we started an investigation in these topics to get more information on these species. During two expeditions into the region E. Achigan-Dako was able to collect the species diversity in different phytogeographic regions of West Africa, reaching from the tropical rainforest of the southern part to the Sahel zone in the north. First analyses indicate that several new species were found, which have to be analysed and described.

Species of the Euphorbiaceae genus *Macaranga* are important Southeast Asian pioneer shrubs and trees of areas where the rainforest was freshly logged. Many of these

species co-occur with **mutualistic ants**. Here we study speciation processes, probably driven by **co-evolution** between plants and their ant partners. Nuclear microsatellites are used together with chloroplast variation in comparative population genetic and phylogeographic studies of two widespread Bornean *Macaranga* species, one a myrmecophyte (ant-plant), the other without ant symbionts (C. Baier, F. Blattner).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Dr. J. Fuchs;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;

Dept. of Cytogenetics, Research Group Pattern Recognition; Dr. U. Seiffert, A. Ihlow.

Outside the Institute:

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Geobotany and Botanical Garden, Halle/S.; Prof. I. Hensen, Dr. M.H. Hoffmann, Prof. M. Röser, Dr. B. von Hagen;

University of Kassel, Systematics and Morphology of Plants, Kassel; Dr. D. Guicking, Prof. K. Weising;

University of Osnabrück, Botanical Institute and Botanical Garden, Osnabrück; Dr. N. Friesen;

Leopold Franzens University Innsbruck, Institute of Pharmacy, Innsbruck, Austria; Prof. C. Zidorn, Dr. S. Grass; Ludwig Maximilian University Munich, Systematic Botany, Munich; Prof. S.S. Renner;

University of Abomey-Calvi, Faculty of Agronomic Sciences, Cotonou, Benin; Prof. A. Ahanchede;

Natural History Museum "Bernado Rivadavia", Buenos Aires, Argentina; Dr. M. Arriaga.

Publications

Peer Reviewed Papers

BÄNFER, G., U. MOOG, B. FIALA, M. MOHAMED, K. WEISING & F.R. BLATTNER: A chloroplast genealogy of myrmecophytic *Macaranga* species (Euphorbiaceae) in Southeast Asia reveals hybridization, vicariance and long-distance dispersals. *Mol. Ecol.* 15 (2006) 4409–4424.

BERR, A., A. PECINKA, A. MEISTER, G. KRETH, J. FUCHS, F.R. BLATTNER, M.A. LYSAK & I. SCHUBERT: Chromosome arrangement and nuclear architecture but not centromeric sequences are conserved between *Arabidopsis thaliana* and *Arabidopsis lyrata*. *Plant J.* 48 (2006) 771–783.

BLATTNER, F.R.: Multiple intercontinental dispersals shaped the distribution area of *Hordeum* (Poaceae). *New Phytol.* 169 (2006) 603–614.

FRIESEN, N., R.M. FRITSCH & F.R. BLATTNER: Phylogeny and new intrageneric classification of *Allium* (Alliaceae) based on nuclear ribosomal DNA ITS sequences. *Aliso* 22 (2006) 372–395.

GEMEINHOLZER, B., C. OBERPRIELER & K. BACHMANN: Using GenBank data for plant identification: possibilities and limitations using the ITS 1 of Asteraceae species belonging to the tribes Lactuceae and Anthemideae. *Taxon* 55 (2006) 173–187.

GRASS, S., C. ZIDORN, F.R. BLATTNER & H. STUPPNER: Comparative molecular and phytochemical investigation of *Leontodon autumnalis* (Asteraceae, Lactuceae) populations from Central Europe. *Phytochemistry* 67 (2006) 122–131.

GUICKING, D., T.S. RANA, F.R. BLATTNER & K. WEISING: Microsatellite markers for the palaeotropic pioneer tree genus *Macaranga* (Euphorbiaceae) and their cross-species transferability. *Mol. Ecol. Notes* 6 (2006) 245–248.

JAKOB, S.S. & F.R. BLATTNER: A chloroplast genealogy of *Hordeum* (Poaceae): long-term persisting haplotypes, incomplete lineage sorting, regional extinction, and the consequences for phylogenetic inference. *Mol. Biol. Evol.* 23 (2006) 1602–1612.

JAKOB, S.S. & K. MAMMEN: Eight new polymorphic microsatellite loci for genetic analyses in the endangered common hamster (*Cricetus cricetus* L.). *Mol. Ecol. Notes* 6 (2006) 511–513.

SCHMID, K.J., O. TÖRJÉK, R. MEYER, H. SCHMUTHS, M.H. HOFFMANN & T. ALTMANN: Evidence for a large-scale population structure of *Arabidopsis thaliana* from genome-wide single nucleotide polymorphism markers. *Theor. Appl. Genet.* 112 (2006) 1104–1114.

SCHMUTHS, H., K. BACHMANN, W.E. WEBER, R. HORRES & M.H. HOFFMANN: Effects of preconditioning and temperature during germination of 73 natural accessions of *Arabidopsis thaliana*. *Ann. Bot. (Lond.)* 97 (2006) 623–634.

SYKOROVÁ, E., J. FAJKUS, M. MEZNIKOVÁ, K.Y. LIM, K. NEPLECHOVÁ, F.R. BLATTNER, M.W. CHASE & A.R. LEITCH: Minisatellite telomeres occur in the family Alliaceae but are lost in *Allium*. *Am. J. Bot.* 93 (2006) 814–823.

Book Chapters

BLATTNER, F.R. & N. FRIESEN: Relationship between Chinese chive (*Allium tuberosum*) and its putative progenitor *A. ramosum* as assessed by random amplified polymorphic DNA (RAPD). In: ZEDER, M.A., D.G. BRADLEY, E. EMSWILLER & B.D. SMITH (Eds.): Documenting domestication: new genetic and archaeological paradigms. Univ. California Press, Berkeley/USA (2006) 134–142.

PhD and Diploma Thesis

PLOCH, S.: Hybridisierung zwischen *Polylepis pauta* Hieron. und *Polylepis sericea* Wedd. im Páramo de Papallacta, Ecuador. (Diploma Thesis). Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006) 58 pp. und Anhang.

Lectures, Posters and Abstracts

V1, V22, V23, V24, V25, V26, V35, V36, V103, V104, V105,
V188, P1, P2, P9, P10, P13, P14, P35, P36, P59, P60, P69, P85,
P86, P149, P150, P151.

Additional Funding

For further information see the survey page 183.

Research Group: Quantitative Evolutionary Genetics

Head: Dr. Karl Schmid

(founded 01.10.2006)

Scientists

IPK financed

Höffken, Matthias (Annex, since 30.10.2006)

Goals

Characterisation of **genome-wide patterns of genetic variation** in *Arabidopsis thaliana* and close relatives, and in wild barley *Hordeum spontaneum* in its native habitat. Development of bioinformatics and population genetic methods for **natural selection mapping** (i.e., the detection of genes with a footprint of natural selection) as complementary methods to association studies and QTL mapping.

Research Report

The group was founded on 1. October 2006 and aims at analyzing genome-wide patterns of variation in *A. thaliana* and in wild barley. Currently, genome-wide SNP data are analyzed from the *A. thaliana* populations that were collected in putative refugia in the Mediterranean region (South Italy), on the Balkans and on North Africa to describe the **population structure** of this species in these region and to test hypotheses about the role of ice ages in the **demographic history** of the species (M. Höffken, K. Schmid).

A multiannual reciprocal transplantation experiment on **ecological adaptation** to the contrasting climates in Central Europe and Central Asia was set up at research locations in Shortandy, Kazakhstan and in Halle, Germany. This experiment will reveal whether the extensive population structure in *A. thaliana* is a result of local adaptation (K. Schmid, together with M. Hoffmann, University of Halle).

The **geographic population structure of wild barley** across micro- and macroecological gradients in Israel is currently being determined by the analysis of 50 randomly chosen, expressed sequence tag (EST)-derived genomic regions. These data are analysed using population genetic approaches such as coalescent simulations and maximum likelihood analysis to obtain insights into genome-wide patterns of geographic variation and to have a genomic control in future tests of natural selection at candidate genes

that are likely involved in local adaptation to radiation, temperature and water stress (K. Schmid, together with A. Korol, Haifa University).

Novel bioinformatics and evolutionary approaches are being developed to enable the automated and high-throughput analysis of natural selection within species and between species. Recently, we investigated the reliability of the frequently used sliding window analysis to detect rapidly evolving or highly polymorphic regions in protein-coding genes and found that these mostly represent statistical artifacts that are generated by the incorrect application of statistical hypothesis-testing. The Maximum Likelihood analysis of natural selection on genes is a more reliable method (K. Schmid, together with Z. Yang, University College London).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity;
Dr. S. Stracke, Dr. N. Stein.

Outside the Institute:

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Geobotany and Botanical Garden, Halle/S.;
Dr. M.H. Hoffmann;
University College London, Department of Biology, London, UK; Prof. Z. Yang;
Haifa University, Institute of Evolution, Haifa, Israel;
Prof. A. Korol.

Publications

(This publication is based on work that has been carried out when Karl Schmid was at the Max Planck Institute in Jena, Germany).

Peer Reviewed Papers

SCHMID, K.J., O. TÖRJÉK, R. MEYER, H. SCHMUTHS, M.H. HOFFMANN & T. ALTMANN: Evidence for a large-scale population structure of *Arabidopsis thaliana* from genome-wide single nucleotide polymorphism markers. *Theor. Appl. Genet.* 112 (2006) 1104–1114.

Lectures, Posters and Abstracts

V199, V200.

Research Group: Taxonomy of Plant Genetic Resources

Head: Dr. Reinhard Fritsch

Scientists

IPK financed

Gurushidze, Maia (Annex, till 30.04.2006)

Pistrick, Klaus, Dr. (P)

Visiting Scientists

Filatenko, Anna, Dr. (self-financed, 27.02.–30.04.2006 and 03.12.–22.12.2006)

Scholars

Gurushidze, Maia (Scholarship of VW-Foundation, since 01.05.2006)

Goals

Curatorial management of living and archive taxonomic collections and taxonomic investigations of morphological, karyological and anatomical characters resulting in phylogenetic conclusions, the construction of classifications, and nomenclatural work. The studies target general problems of the taxonomy of crop plants jointly with the research groups Experimental Taxonomy and Quantitative Evolutionary Genetics.

Research Report

The **custodial management of the taxonomic reference collections** (preparation, labelling, and arranging of the specimens according to classification) are continuous activities. In 2006, about 3,700 herbarium sheets and more than 3,250 samples were added in the collections of seeds, fruits, and cereal spikes which mainly represent new accessions from the genebank. These collections were frequently used by colleagues from other institutions in Germany and abroad. Additionally, a large number of visitors used these collections during stays at IPK (K. Pistrick).

The new version of the IPK *Allium* database was ready in spring to replace the outdated version but could be set up for internal use only. In September 2006, this database was actualized showing now head data of about 3,630 *Allium* accessions and about 5,500 plant pictures. Addition of more pictures continues (R. Fritsch).

Taxonomic supervision of the living *Allium* reference collection was continued (R. Fritsch, K. Pistrick). A larger number of accessions could be added causing enlargement of the collection to 1,740 definitively determined accessions belonging to 335 species and of 25 closely related taxa, 363 accessions remained undetermined yet. Various groups of genebank material were taxonomically revised, and additional accessions were collected during field work abroad (R. Fritsch, K. Pistrick).

Participation in an international research project on **pharmacologically interesting wild *Allium* species** continued after funding was received for additional 18 months (R. Fritsch and K. Pistrick jointly with M. Keusgen, F.O. Khassanov, H. Hisoriev, P. Kurbonova, M. Akhalkatsi, G. Nakhutrishvili, and M. Abbasi). The IPK activities focused on taxonomic assistance during research missions in Iran, Uzbekistan, Tajikistan, and Georgia, as well as on further development of national *Allium* collections in these countries. 155 accessions were newly collected, and about 100 accessions were compared with the plants of the IPK reference collection and were botanically determined (R. Fritsch, K. Pistrick).

The **phylogenetic analyses of *Allium* subgenus *Melanocrommyum*** using two marker systems (nuclear and chloroplast) were completed (M. Gurushidze, R. Fritsch, F. Blattner). Extended sampling and analyses of uniparentally inherited chloroplast sequences using a network-based approach revealed chloroplast data as congruent with the nuclear ITS phylogeny. Both data sets strongly contradict the morphology-based taxonomic classification. The split of the large poly- or paraphyletic sections into smaller groups is also supported by the anatomy of flower nectaries. The molecular data prove that in this subgenus several radiations occurred within different monophyletic groups, and indicate current hybridization and introgression events between many species.

The **phylogenetic relationships in *Allium* section *Cepa*** were analyzed focusing on the origin and closest relatives of common onion (*Allium cepa*) (M. Gurushidze, S. Mashayekhi, R. Fritsch, F. Blattner). Analyses of several accessions per species confirmed section *Cepa* as monophyletic. *Allium vavilovii* is indicated to be the wild progenitor of *A. cepa*, although morphological characters conflict with this hypothesis. Our data show no necessity to further subdivide section *Cepa* into subsections, and most of the formerly accepted alliances were paraphyletic.

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and Reproduction; Dr. U. Lohwasser;

Dept. of Genebank, Research Group *In vitro* Storage and Cryopreservation; Dr. J. Keller;

Dept. of Genebank, Research Group Genebank Documentation; Dr. H. Knüpfper;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Dr. V. Schubert, Dr. G. Jovtchev;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. T. Rutten.

Outside the Institute:

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Geobotany and Botanical Garden, Halle/S.; Prof. E. Jäger, Dr. M.H. Hoffmann;

University of Kassel, Department of Agrobiodiversity, Witzenhausen; Prof. K. Hammer;

Philipps University Marburg, Institute of Pharmaceutical Chemistry, Marburg; Prof. M. Keusgen;

Scientific-Productive Centre "Botanika" of the Uzbek Academy of Sciences, Tashkent, Uzbekistan; Dr. F. Khassanov;

Botanical Institute of the Tajik Academy of Sciences, Dushanbe, Tajikistan; Prof. H. Hisoriev, P. Kurbonova;

Niko Ketskhoveli Institute of Botany, Georgian Academy of Sciences, Tbilisi, Georgia; Prof. G. Nakhutsrishvili, Dr. M. Akhalkatsi;

Plant Pests and Diseases Research Institute, Teheran, Iran; Dr. M. Abbasi;

Botanical Institute "V. L. Komarov" of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia; Dr. V. Kotseruba.

Publications

Peer Reviewed Papers

FRIESEN, N., R.M. FRITSCH & F.R. BLATTNER: Phylogeny and new intrageneric classification of *Allium* (Alliaceae) based on nuclear ribosomal DNA ITS sequences. *Aliso* 22 (2006) 372–395.

FRITSCH, R.M. & M. KEUSGEN: Occurrence and taxonomic significance of cysteine sulphoxides in the genus *Allium* L. (Alliaceae). *Phytochemistry* 67 (2006) 1127–1135.

FRITSCH, R.M., J. KRUSE, K. ADLER & T. RUTTEN: Testa sculptures in *Allium* L. subg. *Melanocrommyum* (Webb & Berth.) Rouy (Alliaceae). *Feddes Repert.* 117 (2006) 250–263.

KEUSGEN, M., R.M. FRITSCH, H. HISORIEV, P.A. KURBUNOVA & F.O. KHASSANOV: Wild *Allium* species (Alliaceae) used in folk medicine of Tajikistan and Uzbekistan. *J. Ethnobiol. Ethnomed.* 2 (2006) 18, <http://www.ethnobiomed.com/content/2/1/18>.

PISTRICK, K.: Overview of cultivated plant species in the family Labiatae. *Acta Hort.* 723 (2006) 133–141.

SCHMUTHS, H., K. BACHMANN, W.E. WEBER, R. HORRES & M.H. HOFFMANN: Effects of preconditioning and temperature during germination of 73 natural accessions of *Arabidopsis thaliana*. *Ann. Bot. (Lond.)* 97 (2006) 623–634.

Other Publications

PISTRICK, K.: Übersicht der in Deutschland im Freiland angebauten Kulturpflanzen der Familie Cruciferae. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 93–98.

Electronic Publications

FRITSCH, R.M. & J. OCHSMANN: IPK *Allium* Database.

<http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/allium/> (2006).

OCHSMANN, J., K. PISTRICK & N. BIERMANN: IPK Genebank and Taxonomy Image Database. <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/imagedata/> (2006).

PISTRICK, K. & J. OCHSMANN: Herbarium IPK Gatersleben (GAT). <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/herbarium/> (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V88, V187, P59, P60, P70, P80, P147, P148.

Additional Funding

For further information see the survey page 183, 192.

Abteilung Cyto-genetik und Genomanalyse/ Department of Cyto-genetics and Genome Analysis

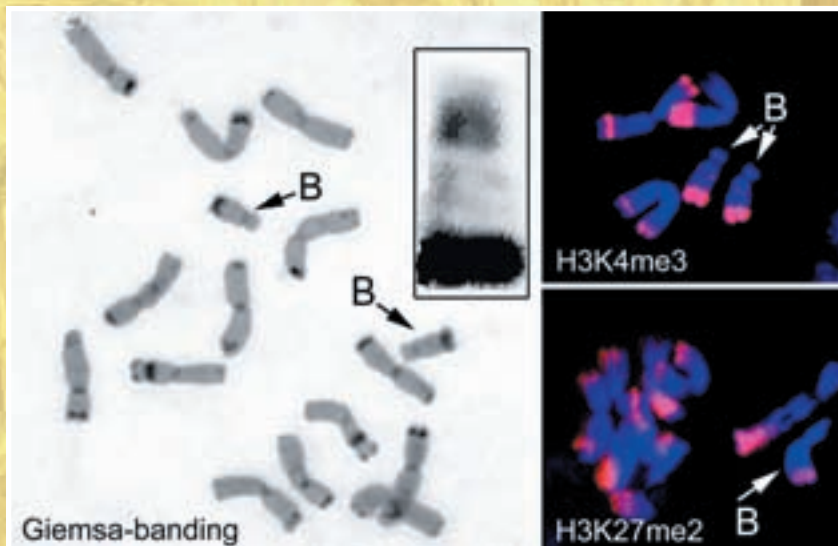


Fig. 17: Roggen-Metaphasen mit B-Chromosomen (markiert) nach Giemsa-Bandierung und Immunmarkierung mit Antikörpern spezifisch für Histon-H3K3me3 und H3K27me2 (A. Houben).

Metaphase chromosomes of rye with B chromosomes (arrowed and further enlarged) after Giemsa-banding and immunostaining with antibodies specific for histone H3K4me3 and H3K27me2 (A. Houben).

Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

Leiter: Prof. Dr. Ingo Schubert

Allgemeine Forschungsziele

Die Forschungsschwerpunkte der Abteilung sind die Genomdynamik auf molekularer und mikroskopischer Ebene unter evolutionären, ontogenetischen und experimentellen Gesichtspunkten sowie die Genetik pflanzlicher Leistungen unter Einbeziehung genomweiter, reverse-genetischer und bioinformatischer Ansätze.

Eine Arbeitsgruppe (*In vitro*-Differenzierung) arbeitet mit embryonalen und adulten Stammzellen vornehmlich der Maus.

Folgende Themenkomplexe stehen im Vordergrund:

- Analyse der Anordnung und Dynamik von Chromosomenterritorien und Chromatindomänen unter evolutionären, ontogenetischen und experimentellen Gesichtspunkten (Arbeitsgruppe Karyotypevolution).
- Aufklärung von Mechanismen der artspezifischen Genomeliminierung in Embryonen aus weiten Kreuzungen sowie der Entstehung und Funktion von B-Chromosomen (Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).
- Molekularcyto-genetische Analyse der DNA- und Proteinzusammensetzung und deren funktionsbezogene epigenetische Modifikation in spezifischen Domänen pflanzlicher Chromosomen (v. a. Zentromer, Eu- und Heterochromatin) während des Zellzyklus und der Ontogenese (Arbeitsgruppen Karyotypevolution, Chromosomenstruktur/-funktion).
- Aufklärung von Evolution und genetischen Mechanismen der apomiktischen Samenbildung bei ausgewählten Angiospermen-Gruppen (Arbeitsgruppe Apomixis).
- Aufklärung von Polyploidie-Effekten auf Genomstruktur und Genexpression sowie von Mechanismen, die infolge übermäßiger Transkriptmengen zur Genabschaltung führen (Arbeitsgruppe Genomplastizität).
- Molekulargenetische Analyse epigenetischer Mechanismen, die der RNA-abhängigen Inaktivierung von Transgenen und der Kontrolle endogener pararetroviraler Sequenzen in Pflanzen zu Grunde liegen (Arbeitsgruppe Epigenetik).
- Aufklärung des Differenzierungspotenzials und der genetischen und epigenetischen Regulation von Differenzierungsprozessen pluripotenter embryonaler und adulter Säugerstammzellen *in vitro* für künftige Entwicklungsstrategien zur Zell- und Geweberegeneration (Arbeitsgruppe *In vitro*-Differenzierung).
- Erfassung und Nutzung der natürlichen genetischen Diversität von Kultur- und nahe verwandten Wildgetreiden zur Identifizierung, Kartierung, Isolierung und gezielten

Department of Cytogenetics and Genome Analysis

Head: Prof. Ingo Schubert

Research Goals

The research topics of the Department are focussed on genome dynamics at the molecular and the microscopic level under evolutionary, developmental and experimental aspects as well as on the genetic dissection of crop plant's performances using reverse genetic and bioinformatic approaches. One research group (*In vitro* Differentiation) is working with embryonic and adult murine stem cells.

The Department's research groups are working on the following topics:

- Analysis of interphase arrangement and dynamics of chromosome territories and specific chromatin domains under evolutionary, developmental and experimental aspects (Research Group Karyotype Evolution).
- Investigation of mechanisms responsible for parent-specific genome elimination within nuclei of embryos resulting from wide crosses; and of the origin and potential function of B chromosomes (Research Group Chromosome Structure and Function).
- Molecular-cytogenetic analysis of DNA and protein composition and of epigenetic modification related to the functions of specific chromatin domains (in particular centromeres, eu- and heterochromatin fractions) during cell cycle and plant development (Research Groups Karyotype Evolution, Chromosome Structure and Function).
- Elucidation of the evolution and genetic mechanisms of apomictic seed formation within selected angiosperm species (Research Group Apomixis).
- Investigation of the impact of polyploidy on genome structure and gene expression and of gene silencing mechanisms as a consequence of excessive transcript levels (Research Group Genome Plasticity).
- Molecular-genetic analysis of epigenetic mechanisms underlying RNA-dependent transcriptional silencing of transgenes and control of endogenous pararetroviral sequences in plants (Research Group Epigenetics).
- Elucidation of potential and regulation of differentiation of pluripotent embryonic and adult mammalian stem cells in culture for future tissue regeneration (Research Group *In vitro* Differentiation).
- Exploration and use of the natural genetic diversity of cultivated and closely related wild cereals for identification, mapping, isolation and transfer of genes and complex traits of agronomic interest into commercial cultivars (Research Group Gene and Genome Mapping).

- Übertragung von Genen und Genkomplexen für landwirtschaftlich bedeutsame Merkmale (Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Analyse des Transkriptom resistenter *versus* susceptibler Pflanzenzellen nach Inokulation mit Pathogenen zur Aufklärung von Pathogen-Pflanze-Wechselwirkungen und zum Nachweis pathogenregulierter Gene und deren Bedeutung für Wirts- bzw. Nichtwirtsresistenzen (Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse).
 - Vergleichende Transkriptanalyse von pflanzlichen Entwicklungsprogrammen (z. B. Samenentwicklung), einschließlich der Konstruktion von Gewebe- und Promoter-Arrays (Arbeitsgruppe Expressionskartierung).
 - Modellierung, Klassifizierung und Dimensionsreduktion hochdimensionaler Daten (3-D-mikroskopische Bilder, NMR, Mikro- und Makroarray-Daten) und Implementierung von Bild- und Datenverarbeitungsalgorithmen auf parallele Hardware (Arbeitsgruppe Mustererkennung).
 - Etablierung von Ontologien bzw. kontrollierten Vokabularien zur Strukturierung, Integration und Vernetzung diverser Datenbanken (Arbeitsgruppe Bioinformatik).

Im Mittelpunkt der Arbeiten stehen neben Erkenntnisgewinn die Schaffung von Voraussetzungen für eine gezielte Modifikation pflanzlicher Genome sowie die Etablierung und Verbreiterung biotechnologisch und züchterisch nutzbarer Techniken und Ressourcen. Diese Arbeiten finden zu einem wesentlichen Teil im Rahmen des **Pflanzengenom-Ressourcen-Centrums (PGRC)** statt, einer abteilungsübergreifenden Forschungs- und Dienstleistungsplattform. In zwei PGRC-Dienstleistungsmodulen, die in den Arbeitsgruppen Transkriptomanalyse, Expressionskartierung und Bioinformatik verankert sind, werden DNA-Sequenzierung, -Arraying, 'EST shipping', und bioinformatischer Service angeboten.

Im Rahmen der gruppenspezifischen Forschungsarbeiten wird die Erhaltung und Weiterentwicklung von Spezialsortimenten der Ackerbohne, der Gerste und weiterer Gramineen mit modifizierten Gen- und Chromosomenbeständen betrieben (Arbeitsgruppen Karyotypevolution, Chromosomenstruktur/-funktion, Gen- und Genomkartierung).

Entwicklung im Berichtsjahr

Zur stärkeren Fokussierung und Sichtbarwerdung der beiden Forschungsschwerpunkte „Genomdynamik“ und „Genetik pflanzlicher Leistungen“, wurde die Abteilung am 1. Januar 2006 in die Bereiche 'Cytogenetik' (Leiter I. Schubert; Arbeitsgruppen: Karyotypevolution, Chromosomenstruktur/-funktion, Apomixis, Genomplastizität, Epigenetik, *In vitro*-Differenzierung, Mustererkennung) und 'Genomanalyse' (Leiter P. Schweizer; Arbeitsgruppen: Transkriptomanalyse, Gen- und Genomkartierung, Expressionskartierung, Bioinformatik) untergliedert. Im Zuge der Bereichsbildung wechselten die Arbeitsgruppen Expressions-

- Analysis of gene expression profiles of resistant *versus* susceptible target cells after pathogen attack to elucidate plant-pathogen-interactions, to identify pathogen-regulated genes and their impact on host/non-host resistances (Research Group Transcriptome Analysis).
- Comparative transcriptome analysis during developmental stages (e. g. of seeds) and construction of tissue and promoter arrays (Research Group Expression Mapping).
- Modelling, classification, and reduction of dimensions of high dimensional data (3-D microscopic images, NMR, micro- and macroarray data) and implementation of algorithms for image and data processing on parallel hardware (Research Group Pattern Recognition).
- Establishing of ontologies and controlled vocabularies for structuring, integration and linking of diverse data bases (Research Group Bioinformatics).

In addition to obtaining basic knowledge, it is intended to establish the prerequisites for directed modification of plant genomes and to provide technological platforms and resources for biotechnology and breeding purposes. These efforts are largely integrated within the frame of the **Plant Genome Resources Centre (PGRC)** involving all departments of the IPK. PGRC services such as DNA sequencing, arraying, clone shipping and bioinformatics services are provided by the Research Groups Transcriptome Analysis Expression Mapping and Bioinformatics.

Special germplasm collections (field bean, barley and other crops) with gene and chromosome mutations are developed, characterised and maintained within the framework of the research programmes of the Research Groups Karyotype Evolution, Chromosome Structure and Function, and Gene and Genome Mapping.

Developments during the year 2006

To increase the focus on and the visibility of the two main topics 'genome dynamics' and 'genetics of crop plant performance' the Department has been subdivided by January 1, 2006, into the two programs 'Cytogenetics' (Head I. Schubert; Research Groups: Karyotype Evolution, Chromosome Structure and Function, Apomixis, Genome Plasticity, Epigenetics, *In vitro* Differentiation, Pattern Recognition) and 'Genome Analysis' (Head P. Schweizer; Research Groups: Transcriptome Analysis, Gene and Genome Mapping, Expression Analysis, Bioinformatics). During this reorganisation process, the Research Groups Expression Mapping and Bioinformatics were transferred from the Department of Molecular Genetics into the program Genome Analysis of the Department of Cytogenetics and Genome Analysis.

A **new Research Group 'Genome Plasticity'** headed by Dr. Renate Schmidt has been established within the program Cytogenetics since October 1, 2006. This group mainly aims at the elucidation of polyploidy effects on genome structure and gene expression.

kartierung und Bioinformatik von der Abteilung Molekulargenetik in den Bereich Genomanalyse der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse.

Im Oktober 2006 wurde eine **neue Arbeitsgruppe 'Genomplastizität'** unter der Leitung von Priv.-Doz. Dr. Renate Schmidt im Bereich Cytogenetik eingerichtet. Ziel der Gruppe ist v. a. die Aufklärung von Polyploidie-Effekten auf Genomstruktur und Genexpression.

Im laufenden Jahr wurden drei Dissertationen und sieben Diplomarbeiten erfolgreich abgeschlossen.

Für die abteilungsinterne, die institutsweite und die institutsübergreifende Zusammenarbeit spielten auch im Jahr 2006 molekulare Markersysteme, lasergestützte Durchflusszytometrie, Fluoreszenzmikroskopie und Bioinformatik eine wesentliche Rolle. Alle Gruppen der Abteilung kooperieren innerhalb und außerhalb des IPK z. B. im Rahmen von GABI-SEED II und anderen institutionsübergreifenden Verbänden. Für die vielfältig verflochtene Zusammenarbeit zwischen den Gruppen der Abteilung, innerhalb des IPK und darüber hinaus siehe die Berichte der jeweiligen Arbeitsgruppen und deren Publikationsverzeichnisse.

Unter den 2006 erbrachten Forschungsleistungen seien die Folgenden besonders hervorgehoben:

1. Die Histonvariante CENH3 ersetzt Histone H3 in den Nucleosomen aktiver Zentromere bei allen Eukaryoten. Korrekte Expression und zentromerspezifische Deposition von CENH3 sind Voraussetzung für die nachfolgende Assoziation von >65 Kinetochorproteinen und für eine korrekte Segregation des im Zellkern gespeicherten Erbmateri als. Vergleichende *in situ*- und *in vivo*-Untersuchungen verschiedener Zellzyklusstadien mittels rekombinant Fluoreszenz-markiertem CENH3 von *Arabidopsis thaliana* ergaben eine **CENH3-Deposition an (einem Teil der) zentromerischen Sequenzen während der G2-Phase** bei gleichzeitiger Trennung der Schwesterkinetochore, während die Kinetochor-flankierenden Zentromerregionen bis zur Anaphase kohäsiv bleiben (s. Fig. 18). Immunfärbungen gegen natives CENH3 bestätigten dieses Ergebnis. Die Histon-Faltungsdomäne von AtCENH3 ist hinreichend für die Zentromer-

Three dissertations (PhD) and seven Diploma theses have been finished successfully.

Besides PGRC services, molecular marker systems and flow-cytometry were important issues for collaboration within the Department and with other groups inside and outside the IPK during the current year. All groups of the Department collaborate with internal and external partners within the frame of large national and international research networks such as GABI-SEED II and others. 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 2006:

1. The histone H3 variant CENH3 substitutes H3 within the nucleosomes of all active eukaryotic centromeres. Correct expression and centromere-specific deposition of CENH3 is a prerequisite for subsequent association of >65 kinetochore proteins, responsible for correct segregation of chromatids/chromosomes during nuclear divisions. Comparative investigation of various cell cycle stages *in situ* and *in vivo* by means of the recombinant fluorescently (EYFP) labelled CENH3 of *Arabidopsis thaliana* revealed **CENH3 loading to a proportion of centromeric repeat sequences mainly during late G2** (see Fig. 18). At the same time sister kinetochores get separated, while kinetochore-flanking regions of centromeric repeats apparently remain cohesive until anaphase. Immunostaining of endogenous CENH3 by specific antibodies confirmed this result. The histone fold domain of AtCENH3 is sufficient to target centromeres and to recognise the three different satellite sequences of *A. lyrata* centromeres (Research Group Karyotype Evolution, see Lermontova et al., Plant Cell 2006).
2. Controlled protein degradation is one of the key processes in plant-pathogen interactions. Attack by the powdery mildew fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* (*Bgh*) hyper-destabilised a novel unstable GFP fusion protein in barley leaf epidermis, suggesting enhanced protein turnover (see Fig. 19, p. 58). Partial depletion of

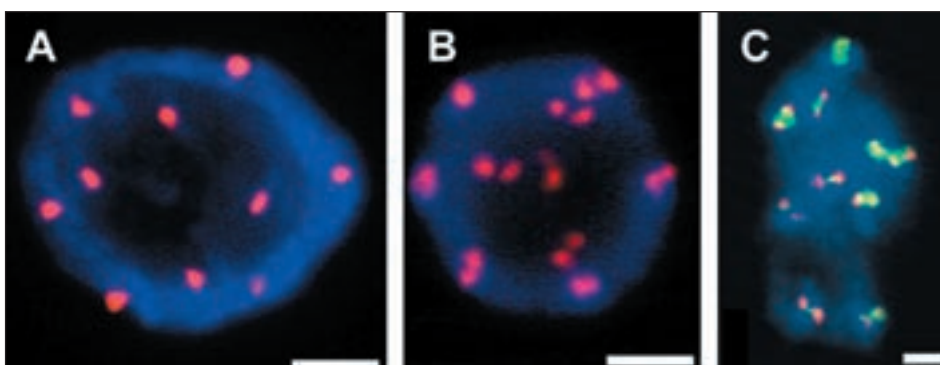


Fig. 18: Loading of the centromeric histone variant CENH3 to maintain centromeres occurs mainly during G2-phase of cell cycle in *A. thaliana* nuclei. A) Meristematic G2 nucleus showing ten immuno-signals (red) for EYFP-AtCENH3; B) G2 nucleus with 10 double signals for EYFP-AtCENH3, in total of about twice the volume and intensity of the signals in (A), indicating CENH3 loading and splitting of kinetochores; C) G2 nucleus showing 10 double signals for CENH3, each double signal within a signal region (green) obtained by FISH with the centromeric tandem repeat pAI, indicating cohesion of kinetochore-flanking centromeric repeat regions. Bar = 2 μ m (I. Lermontova).

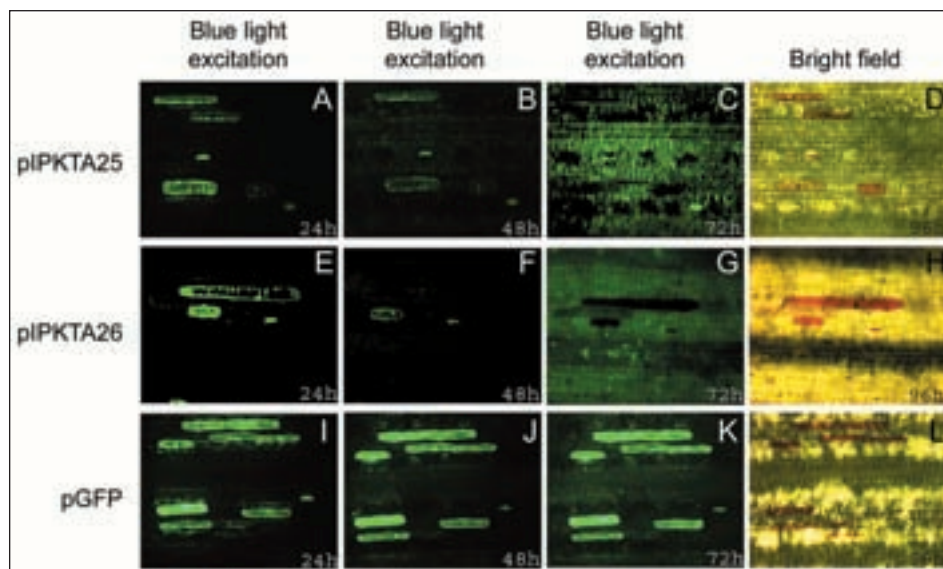


Fig. 19: An N-terminal domain of barley 1-aminocyclopropane-1-carboxylate-synthase (ACS) destabilizes GFP (Green Fluorescence Protein) in barley epidermis.

Barley leaf segments were co-bombarded with pIPKTA25 (113aa ACS:GFP OE), pIPKTA26 (164aa ACS:GFP OE), or pGFP encoding an enhanced GFP, together with pBC17 giving rise to anthocyanin accumulation after 3-6 days post bombardment. Images from identical sites on bombarded leaves were repeatedly taken at the times indicated. Note the high degree of spatial congruence of initial GFP fluorescence with pBC17-induced anthocyanin accumulation (W. Dong and P. Schweizer).

Erkennung. Das gilt auch für die drei unterschiedlichen Zentromersequenzen von *A. lyrata*. (Arbeitsgruppe Karyotypevolution, s. I. Lermontova, V. Schubert, J. Fuchs, S. Klatte, J. Macas & I. Schubert, Plant Cell 2006).

- Der kontrollierte Abbau von Ubiquitin-markierten Proteinen über den proteasomalen Weg nimmt eine Schlüsselstellung in der Abwehr von Pathogenen durch Pflanzen ein. In der Epidermis mehltreubefallener Gerste erhöhte sich der Protein-“Turnover” dramatisch, wie anhand einer neuen, instabilen GFP-Variante gezeigt werden konnte (s. Fig. 19). Eine Reduktion der zellulären Ubiquitinmenge über RNAi-vermitteltes transientes “gene silencing” bewirkte eine Superanfälligkeit der Epidermiszellen gegenüber dem Pathogen. Komplementationsexperimente mit synthetischen, RNAi-resistenten Genen, die für Wildtyp oder mutierte Ubiquitin-Monomere kodieren, ließen den Schluss zu, dass vor allem die **Lysin 48-abhängige Polyubiquitinierung** eine **Schlüsselrolle in der Basalresistenz der Gerste** spielt. Unerwarteterweise scheint aber die für Basalresistenz wichtige, Lysin 48-abhängige Polyubiquitinierung noch unbekannter Zielproteine diese nicht für den proteasomalen Abbau sondern für noch unbekannte Zwecke zu markieren (Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse, s. Dong et al., Plant Cell 2006).
- Ein neues Gen für Korngewicht** wurde durch genetische Dissektion von QTLs unter der Verwendung von Introgressionslinien auf dem Weizenchromosom 7D kartiert. Linien mit einer spezifischen Introgression aus dem synthetischen Weizen M6 im Zentromerbereich des Chromosoms 7D und mit der deutschen Winterweizensorte ‘Prinz’ als genetischem Hintergrund wiesen ein um 10 % höheres Korngewicht auf als Linien ohne diese Introgression (s. Fig. 20, S. 59). Die höhere Korngröße korrelierte mit der Pflanzenhöhe und der Ährenlänge (M. Röder, Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

cellular ubiquitin levels by transient RNAi induced extreme susceptibility of transformed cells towards *Bgh*. Cells were rescued from RNAi-mediated ubiquitin depletion by synthetic genes that encode wild type or K63R mutant barley monoubiquitin proteins thus suggesting a role of **lysine 48-dependent polyubiquitination** that normally **provides the signal for proteasomal protein degradation**.

Unexpectedly, RNAi of 40 genes encoding all 17 subunits of the proteasome 19S regulatory particle failed to induce hypersusceptibility against *Bgh* suggesting a role for lysine 48-linked protein polyubiquitination, which is independent from the proteasome pathway, in basal host defense of barley (Research Group Transcriptome Analysis; Dong et al., Plant Cell 2006).

- A novel gene for grain weight** on wheat chromosome 7D was detected by genetic dissection of QTLs in introgression lines derived from mapping populations of advanced backcrosses. The lines carrying a specific introgression of the synthetic wheat M6, which was genetically mapped in the centromeric region of chromosome 7D, in the background of the German winter wheat variety ‘Prinz’ had a 10 % higher grain weight than lines without introgression (see Fig. 20. p. 59). The phenotype of larger grain size was correlated with plant height and spike compactness (M. Röder, Research Group Gene and Genome Mapping).
- DNA methylation is generally thought to be diagnostic for transcriptionally inactive chromatin in plants. In a study of the position dependence of RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*, levels of reporter gene inactivation and promoter DNA methylation were found to differ significantly for target transgenes integrated at different chromosomal positions. In the vast majority of cases, silencing and DNA methylation were well correlated. But at one particular transgene, reporter gene expression was hardly reduced despite the presence of substantial promoter **DNA me-**

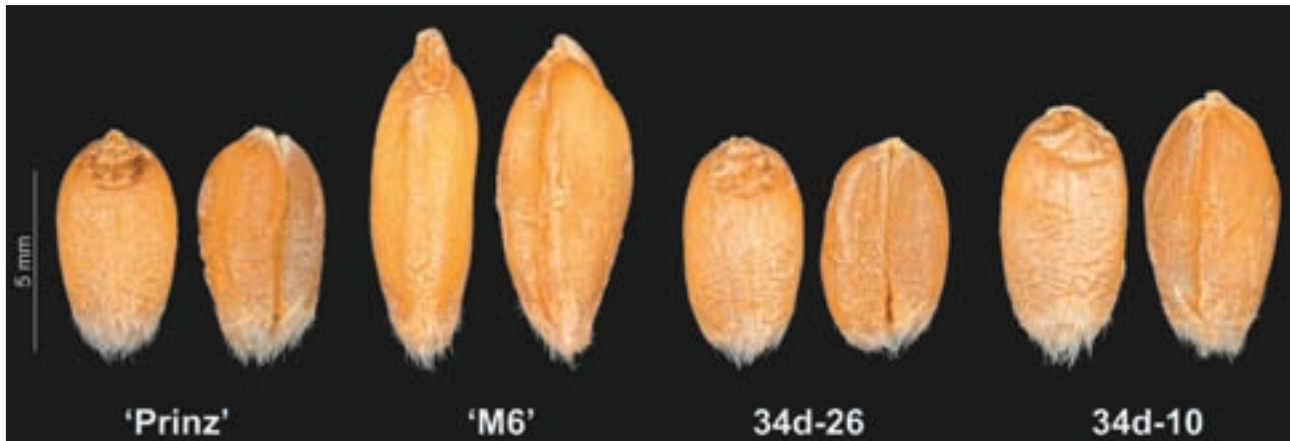


Fig. 20: An increase of grain size was observed in nearly isogenic lines with an introgression on chromosome 7D of the synthetic wheat M6 in the background of the winter wheat variety 'Prinz'. From left to right: Grains of the parental lines 'Prinz' and 'M6'. Line 34d-26 represents a control group without chromosomal introgressions and line 34d-10 carries the M6 introgression on 7D (M. Röder).

4. Die Methylierung von DNA wird in Pflanzen als typische Eigenschaft von transkriptionell inaktiviertem Chromatin betrachtet. In einer Studie zur Positionsabhängigkeit der RNA-vermittelten transkriptionellen Geninaktivierung in *Arabidopsis thaliana* wurden für an unterschiedlichen chromosomalen Positionen integrierte Ziel-Transgene sich klar unterscheidende Grade an Reporter-Geninaktivierung und Promotor-DNA-Methylierung gefunden. In der Mehrzahl der Fälle waren Geninaktivierung und DNA-Methylierung positiv korreliert. An einem bestimmten Transgen war allerdings die Reporter-Genexpression trotz des Vorhandenseins erheblicher Promotor-DNA-Methylierung kaum vermindert. Der umgekehrte Fall, d. h. Geninaktivierung ohne DNA-Methylierung, wurde nicht beobachtet. So kann die **DNA-Methylierung als notwendig, aber nicht hinreichend für die transkriptionelle Geninaktivierung** betrachtet werden (M.F. Mette, U. Fischer, M. Kuhlmann, Arbeitsgruppe Epigenetik).

5. **Transkriptionsaktives Heterochromatin wurde für B-Chromosomen erstmals beschrieben.** B-spezifische Transkripte existieren in somatischem und meiotischem Roggen-Gewebe. Das Fehlen eines möglichen offenen Leserahmens und die unterschiedliche Größe der RNA-Transkripte deutet darauf hin, dass es sich um nicht-kodierende RNA handelt, welche wahrscheinlich eine strukturelle oder katalytische Funktion besitzt. Im Gegensatz zu heterochromatischen Regionen der A-Chromosomen (s. Fig. 17, S. 54), ist das Heterochromatin der B-Chromosomen durch Methylierung von Histon H3 in den Positionen K4 und K27 epigenetisch markiert. H3K4me3 ist eine Euchromatin-typische Markierung und H3K27me2 ist typisch für pflanzliches Heterochromatin (M. Carchilan, A. Houben in Zusammenarbeit mit W. Viegas, Instituto Superior de Agronomia, Lisboa, Portugal and J.N. Jones, University of Wales, Aberystwyth, UK).

thylation. Conversely, silencing without promoter DNA methylation was not observed. Thus, DNA methylation can be considered as a **necessary but not sufficient** condition for **transcriptional gene inactivation** (M.F. Mette, U. Fischer, M. Kuhlmann, Research Group Epigenetics).

5. **Transcriptionally active heterochromatin has been identified in B chromosomes.** Abundant B-specific transcripts were found in somatic and even more often in meiotic tissue of rye. The lack of any significant open reading frame and the highly heterogeneous size of transcripts indicates that the non-coding RNA may function as structural or catalytic RNA. Contrary to the heterochromatic regions of A chromosomes the heterochromatin of B chromosomes is simultaneously marked by trimethylated histone H3K4 and dimethylated H3K27 (see Fig. 17, p. 54) (M. Carchilan, A. Houben in collaboration with W. Viegas, Instituto Superior de Agronomia, Lisboa, Portugal and J.N. Jones, University of Wales, Aberystwyth, UK).

Ingo Schubert, January 2007

Program: Cytogenetics

Research Group: Karyotype Evolution

Head: Prof. Ingo Schubert

Scientists

IPK financed

Berr, Alexandre (P)

Fuchs, Jörg, Dr. (P)

Malysheva-Otto, Ludmilla, Dr. (Annex, 01.09.–31.12.2006)

Schubert, Veit, Dr. (P)

Grant Positions

Jovtchev, Gabriele, Dr. (LSA)

Kaydamov, Catrin, Dr. (LSA, 01.10.–31.12.2006)

Lermontova, Inna, Dr. (DFG)

Pecinka, Ales (DFG, till 31.01.2006)

Watanabe, Koichi, Dr. (DFG, since 01.04.2006)

Visiting Scientists

Ali, Hoda Badry Mohammed, Dr. (IPK, since 04.11.2006)

Endo, Takashi R., Prof. (IPK, 26.07.–08.08.2006)

Pickering, Richard, Dr. (IPK, 31.05.–24.07.2006)

Goals

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

Research Report

Comparative *in situ* and *in vivo* investigation of various cell cycle stages in plants expressing the fluorescently labelled centromeric histone H3 variant of *Arabidopsis thaliana* (EYFP-AtCENH3) revealed **CENH3 loading to a proportion of centromeric repeat sequences mainly during late G2** (see Fig. 18, p. 57). At the same time sister kinetochores get separated, while kinetochore-flanking regions of centromeric repeats apparently remain cohesive until anaphase. Immunostaining of endogenous CENH3 by specific antibodies confirmed this result. The histone fold domain of AtCENH3 is sufficient to target centromeres and to recognise the three different centromeric repeats of *A. lyrata* (DFG; I. Lermontova, V. Schubert, J. Fuchs, S. Klatté, J. Macas & I. Schubert, Plant Cell 2006). Alien CENH3 will be tested in substitution experiments and for complementation of RNAi effects (DFG applied).

As to the subchromosomal distribution of histone modifications between eu- and heterochromatin of plants of different phylogenetic position, an invited review **surveying the plasticity of chromosomal histone acetylation, phosphorylation and methylation patterns** has been published (J. Fuchs, D. Demidov, A. Houben & I. Schubert, TiPS 2006). In addition to *Vicia faba* and barley, five other angiosperms and two gymnosperms are now being included in a comparative study of histone methylation marks.

Immunostaining revealed the absence of the wild-type-specific clustering of H3K9me1 and 2 from the heterochromatic chromocentres of triple mutant (*suvh4,5* and 6, from J. Bender, Baltimore, USA) nuclei, reflecting the specificity of the severely reduced content of H3K9me1 and 2 in the mutant (LSA-Excellence cluster with MLU Halle; G. Jovtchev, J. Fuchs and A. Houben, Research Group Chromosome Structure and Function), (see Fig. 21, p. 61).

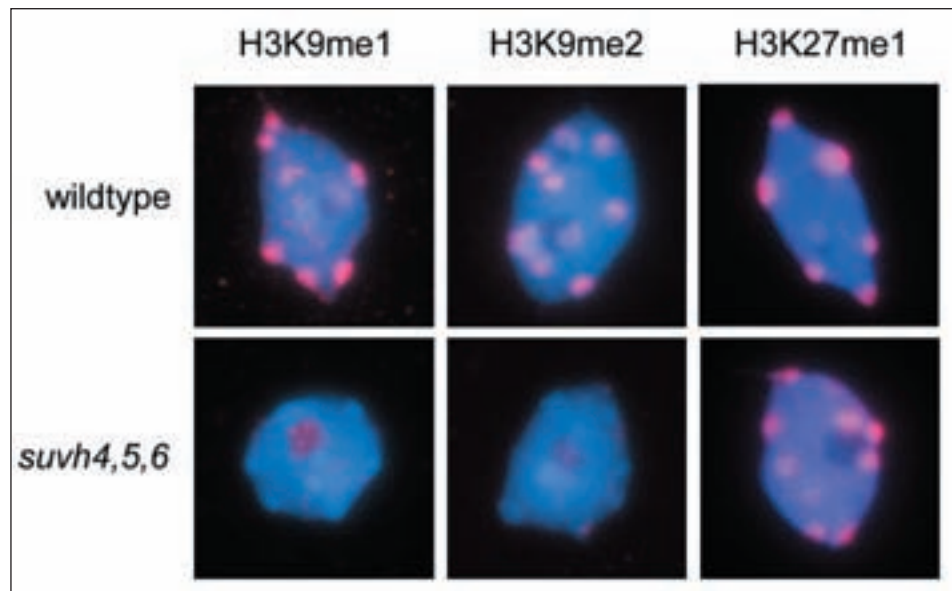
The *A. lyrata* karyotype (n=8, 1C~245 Mbp) differs significantly from that of *A. thaliana* (n=5; 1C~157 Mbp) and most likely resembles the ancestor karyotype of the genus *Arabidopsis*. Nevertheless, chromosome painting and FISH with specific single copy or repeat sequences revealed that **chromosome territory arrangement, positional homologous pairing and sister chromatid alignment frequency of rDNA, centromeric and single copy loci in *A. lyrata* are similar as in *A. thaliana***. Apparently, phylogenetic affiliation has a greater impact on interphase chromosome arrangement than similarity in genome size, sequence organisation and/or chromosome number (DFG; A. Berr, A. Pecinka, A. Meister, G. Kreth, J. Fuchs, F. Blattner, M. Lysak & I. Schubert, Plant J. 2006).

The random somatic pairing frequency of homologous chromosome regions is not altered in mutants with an up to 100-fold increased frequency of somatic homologous recombination (DFG; A. Kirik, A. Pecinka, E. Wendeler & B. Reiss, Plant Cell 2006).

According to FISH with BAC sequences, **sister chromatid alignment proved to be variable, dynamic, independent of the cytosine methylation level and not obligatory along the entire chromosome arms** in meristematic and differentiated (endopolyploid) *A. thaliana* nuclei, **but was** (up to 16C DNA content) **constant at centromeric regions** (V. Schubert, M. Klatté, A. Pecinka, A. Meister, Z. Jasencakova & I. Schubert, Genetics 2006). Now we search for potential cohesion 'hot spots' in *A. thaliana* and test in other plants the general validity of these observations. In addition, localisation of cohesin complexes and effects of cohesin mutations on sister chromatid alignment and nuclear divisions will be studied (State Saxony Anhalt (LSA) applied; V. Schubert, Y-M. Kim, H. Ali, I. Lermontova).

Transgenic tandem repeats (Lac and Tet operator sequences) are studied regarding their somatic homologous pairing and their association with endogenous heterochromatin in *A. thaliana* root and leaf nuclei. The aim is to find out **which impact have repeat type, chromosomal position,**

Fig. 21: The strong reduction of methylation at histone H3 lysine 9 in the triple mutant *suvh4,5,6* of *A. thaliana* (Ebbs & Bender, Plant Cell 2006) could be specified by immunostaining with antibodies against the corresponding methylated isoforms. The heterochromatin-specific marks (mono- and dimethylated H3K9) are nearly absent, while H3K27 remained heavily methylated at heterochromatin, indicating that SUVH5 and 6 mediate monomethylation of H3K9, particularly within heterochromatin (while SUVH4 mediates dimethylation of H3K9, see Jasencakova, Soppe, Meister, Gernand, Houben, Turner & Schubert, Plant J. 2003) (J. Fuchs).



copy number, transcriptional activity, DNA methylation and histone modification on interphase chromatin arrangement (LSA-Excellence cluster with MLU Halle; G. Jovtchev, K. Watanabe, M.F. Mette, Research Group Epigenetics, in collaboration with A. Matzke, Vienna, and E. Lam, New Brunswick, USA).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Experimental Taxonomy; Dr. F. Blattner, S. Jacob, T. Pleines;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben, Dr. D. Demidov;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group In vitro Differentiation; Prof. A.M. Wobus, Dr. T. Nikolova, Dr. I. Schröder, C. Kaiser;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. W. Weschke, Dr. A. Tewes.

Outside the Institute:

University Karlsruhe, Institute of Botany II, Karlsruhe; Prof. H. Puchta, Dr. F. Hartung;
Max-Planck-Institute for Breeding Research, Köln; Dr. B. Reiss;
Novoplant GmbH, Gatersleben; Dr. J. Zimmermann, Dr. S. Berger, T. Jahn;
University of Hannover, Institute of Botany, Hannover; A. Islam;
University of Heidelberg, Kirchhoff-Institute for Physics, Heidelberg; Dr. G. Kreth;
Martin-Luther-University of Halle-Wittenberg, Institute of Genetics, Halle/S.; Prof. G. Reuter;
Justus v. Liebig University, Institute of Plant Production & Plant Breeding, Gießen; H.A. Sagbedja;

Institute of Vegetable and Ornamental Crops, Erfurt;

Dr. A. Hohe;

Georg-August-University Göttingen, Albrecht von Haller

Institute of Plant Sciences; Dr. A. Schmidt-Lebuhn;

University of Kyoto, Kyoto, Japan; Prof. T.R. Endo;

Rutgers State University, New Brunswick, USA; Prof. E. Lam;

Institute for Crop and Food Research, Christchurch,

New Zealand; Dr. R. Pickering;

Friedrich Miescher Institute, Basel, Switzerland;

Prof. B. Hohn;

University of Zurich, Zurich, Switzerland;

Prof. U. Grossniklaus, Dr. C. Baroux;

Institute of Plant Molecular Biology, Academy of Sciences,

Ceské Budejovice, Czech Republic; Dr. J. Macas;

Masaryk University, Brno, Czech Republic; Dr. M. Lysak;

University of Clermont-Ferrand, Clermont-Ferrand, France;

Dr. O. Mathieu, Dr. S. Tourmente.

Publications

Peer Reviewed Papers

BAROW, M.: Endopolyploidy in seed plants. *BioEssays* 28 (2006) 271–281.

BERR, A., A. PECINKA, A. MEISTER, G. KRETH, J. FUCHS, F.R. BLATTNER, M.A. LYSAK & I. SCHUBERT: Chromosome arrangement and nuclear architecture but not centromeric sequences are conserved between *Arabidopsis thaliana* and *Arabidopsis lyrata*. *Plant J.* 48 (2006) 771–783.

BERR, A. & I. SCHUBERT: Direct labelling of BAC-DNA by rolling-circle amplification. *Plant J.* 45 (2006) 857–862.

CAPERTA, A.D., M. DELGADO, F. RESSURREICAO, A. MEISTER, R.N.

JONES, W. VIEGAS & A. HOUBEN: Colchicine-induced polyploidization depends on tubulin polymerization in c-metaphase cells. *Protoplasma* 227 (2006) 147–153.

FUCHS, J., D. DEMIDOV, A. HOUBEN & I. SCHUBERT: Chromosomal histone modification patterns - from conservation to

- diversity. (Erratum TIPS 11 (2006) 212). Trends Plant Sci. 11 (2006) 199–208.
- JOVTCHEV, G., V. SCHUBERT, A. MEISTER, M. BAROW & I. SCHUBERT: Nuclear DNA content and nuclear and cell volume are positively correlated in angiosperms. Cytogenet. Genome Res. 114 (2006) 77–82.
- KIRIK, A., A. PECINKA, E. WENDELER & B. REISS: The chromatin assembly factor subunit FASCIATA1 is involved in homologous recombination in plants. Plant Cell 18 (2006) 2431–2442.
- KOLB, C.A., E. WIRTH, W.M. KAISER, A. MEISTER, M. RIEDERER & E.E. PFÜNDEL: Noninvasive evaluation of the degree of ripeness in grape berries (*Vitis vinifera* L. cv. Bacchus and Silvaner) by chlorophyll fluorescence. J. Agric. Food Chem. 54 (2006) 299–305.
- LERMONTOVA, I. & B. GRIMM: Reduced activity of plastid protoporphyrinogen oxidase causes attenuated photodynamic damage during high-light compared to low-light exposure. Plant J. 48 (2006) 499–510.
- LERMONTOVA, I., V. SCHUBERT, J. FUCHS, S. KLATTE, J. MACAS & I. SCHUBERT: Loading of *Arabidopsis* centromeric histone CENH3 occurs mainly during G2 and requires the presence of the histone fold domain. Plant Cell 18 (2006) 2443–2451.
- LYSAK, M.A., A. BERR, A. PECINKA, R. SCHMIDT, K. MCBREEN & I. SCHUBERT: Mechanisms of chromosome number reduction in *Arabidopsis thaliana* and related Brassicaceae species. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 103 (2006) 5224–5229.
- PECINKA, A., P. SUCHANKOVA, M.A. LYSAK, B. TRAVNICEK & J. DOLEZEL: Nuclear DNA content variation among Central European *Koeleria* taxa. Ann. Bot. (Lond.) 98 (2006) 117–122.
- PICKERING, R., S. KLATTE & R.C. BUTLER: Identification of all chromosome arms and their involvement in meiotic homoeologous associations at metaphase I in *Hordeum vulgare* L. × *Hordeum bulbosum* L. hybrids. (Erratum: Genome 49 (8) 2006 1055). Genome 49 (2006) 73–78.
- SCHUBERT, V., M. KLATTE, A. PECINKA, A. MEISTER, Z. JASENCAKOVA & I. SCHUBERT: Sister chromatids are often incompletely aligned in meristematic and endopolyploid interphase nuclei of *Arabidopsis thaliana*. Genetics 172 (2006) 467–475.
- VAILLANT, I., I. SCHUBERT, S. TOURMENTE & O. MATHIEU: *MOM1* mediates DNA-methylation-independent silencing of repetitive sequences in *Arabidopsis*. EMBO Rep. 7 (2006) 1273–1278.

Book Chapters

- LYSAK, M., P. FRANSZ & I. SCHUBERT: Cytogenetic analyses of *Arabidopsis*. In: Salinas, J. & J.J. Sanchez-Serrano (Eds.): *Arabidopsis* protocols. 2nd ed. (Methods in Molecular Biology; 323). Humana Press, Totowa/USA (2006) 173–186.

Other Publications

- BÖRNER, A., O. DOBROVOLSKAYA, E.K. KHELESTKINA, U. LOHWASSER, S. NAVAKODE, M.S. ROEDER, V. SCHUBERT, A. WEIDNER & K. ZAYNALI NEZHAD: Items from Germany, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK). Annu. Wheat Newsl. 52 (2006) 24–27.

PhD and Diploma Thesis

- BERR, A.: Karyotype evolution and nuclear organization across the genus *Arabidopsis*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006) 102 pp.

Lectures, Posters and Abstracts

- V9, V57, V58, V107, V215, V216, V217, V218, V219, V220, V221, P12, P13, P14, P15, P43, P72, P73, P85, P86, P93, P102, P103, P104, P139, P140, P219.

Additional Funding

- For further information see the survey page 183.

Research Group: Chromosome Structure and Function

Head: Dr. Andreas Houben

Scientists

IPK financed

Carchilan, Mariana (Annex, since 01.05.2006)

Grant Positions

Agueci, Francesco (LSA, since 19.01.2006)

Banaei Moghadam, Ali Mohammad (DFG)

Carchilan, Mariana (LSA, till 30.04.2006)

Demidov, Dmitri, Dr. (DFG)

Karimi Ashtiyani, Raheleh (LSA)

Marschner, Sylvia (LSA, till 30.04.2006)

Vlasenko, Liudmila (DFG, since 16.01.2006)

Visiting Scientists

Braszewska-Zalewska, Agnieszka (University Silesia, 12.02.–03.03.2006)

Caperta, Ana, Dr. (University Lisboa, 23.03.–06.04.2006)

Marschner, Sylvia (self-financed, since 01.08.2006)

Nagaki, Kiyo, Dr. (IPK, 12.05.–09.06.2006)

Nasuda, Shuhei, Dr. (University Kyoto, 11.06.–22.06.2006)

Nomura, Taiji, Dr. (University Kyoto, 01.10.–29.10.2006)

Goals

Analysis and manipulation of structure and regulation of plant chromosomes.

Research Report

The chromosomal location of **centromere-specific histone H3 (CENH3)** is the assembly site for the kinetochore complex of active centromeres. ChIP and immuno/FISH data indicate that CENH3 **interacts in barley with cereba**, a centromeric retrotransposon-like element conserved among cereal centromeres and a **barley-specific GC-rich centromeric satellite** sequence (see Fig. 22). CENH3 protein is bound only to a fraction of the centromeric repeats, within distinct structural subdomains of the centromere (A. Houben in collaboration with T. Endo, S. Nasuda, Kyoto University; K. Nagaki, Okayama University, Japan and E. Schroeder-Reiter, G. Wanner, Botanical Institute, Munich, Germany).

Chromosome condensation and segregation has been linked to dynamic histone H3 phosphorylation. Overexpression of the histone H3-specific AtAurora1 kinase resulted in

a sublethal phenotype. Analysis of double T-DNA insertion mutants of AtAurora 1/2, revealed for the homozygous state a lethal phenotype and for heterozygous mutants defects in pollen and embryo development. In collaboration with F. Börnke (University Erlangen) two putative interaction partners of AtAurora1 were identified by yeast two-hybrid screening. One of these proteins shows high similarity with a cohesin phosphatase. To identify interacting partners and substrates, AtAurora constructs containing HA- and StrepII-tags were generated for protein complex isolation from *Nicotiana benthamiana* and *Arabidopsis*. Additionally, two members of the *Arabidopsis* NIMA-like kinase family and an orthologue of the putative threonine 3 histone H3-specific haspin kinase have been cloned and the transcription behaviour in wild-type and T-DNA lines has been analysed (D. Demidov, R. Karimi, L. Vlasenko, F. Agueci, A. Houben, in collaboration with F. Börnke, Erlangen).

To test whether genetically active A and genetically inactive **B chromosomes (Bs)** differ as to their content of **euchromatin and heterochromatin-specific histone marks**, both types of chromosomes of *Brachycome dichromosomatica* and of rye were comparatively analysed. Bs of *B. dichromosomatica* show a reduced level of euchromatic histone H3 methylation marks. Contrary to the heterochromatic regions of A chromosomes, the heterochromatic subterminal domain of rye Bs is simultaneously marked by H3K4me3 and by H3K27me3 – an unusual combination of euchromatic and heterochromatic histone modifications. Rye **B-subterminal domain-specific high copy repeats are transcriptionally active**, although with a tissue-type dependent activity. The lack of any significant open reading frame and the highly heterogeneous size of transcripts indicates that such non-coding RNA may function as structural or catalytic RNA (M. Carchilan, S. Marschner, A. Houben in collaboration with W. Viegas, Instituto Superior de Agronomia, Lisboa, Portugal and J.N. Jones, University of Wales, UK).

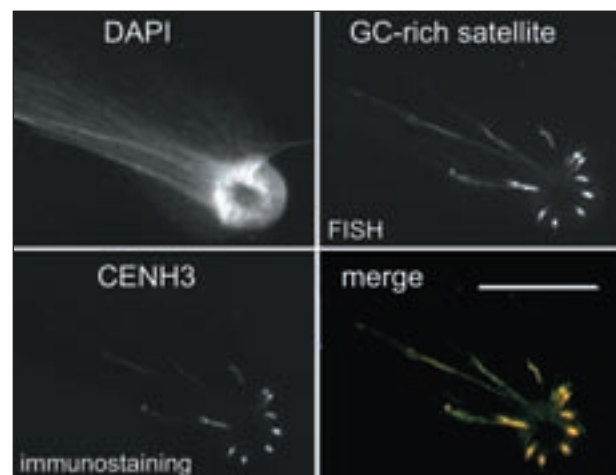


Fig. 22: Immunofluorescent labelling of kinetochore protein CENH3 and FISH detection of centromeric GC-rich satellite sequences on extended chromatin fibres. Signals of CENH3 and GC-rich satellite co-localize but not along the entire area of centromeric repeats. Images of the DAPI-staining (blue), anti-OsCENH3 (red) and centromeric GC-rich satellite signals (green) were merged. Bar = 10 μ m (A. Houben).

Analysis of the **relationship between heterosis and epigenetic modifications** has been initiated using *Arabidopsis* (lines Col-0 and C24 and their F1 hybrids) as a model. Histone H3 and DNA methylation will be comparatively analysed at the genomic and single gene level on a set of genes for which a dominant expression pattern has been demonstrated (A. Banaei and A. Houben in collaboration with F.M. Mette, Research Group Epigenetics, T. Altmann, MPI, Golm).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Experimental Taxonomy; Dr. F. Blattner;
Dept. of Genebank, Research Group Taxonomy of Plant Genetic Resources; Dr. K. Pistrick;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Dr. J. Fuchs, Prof. I. Schubert;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Epigenetics; Dr. F.M. Mette;
Dept. of Molecular Genetic, Research Group Gene Expression; Dr. A. Tewes;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. T. Rutten.

Outside the Institute:

Martin Luther University of Halle-Wittenberg, Institute of Genetics, Halle/S.; Prof. G. Reuter;
Institute for Biology, FU Berlin; U. Dubiella, Prof. T. Romeis;
Max Planck Institute (MPI) for Molecular Plant Physiology, Golm; Prof. T. Altmann, Dr. R. Meyer;
Ludwig Maximilians University, Munich; Prof. G. Wanner, Dr. E. Schroeder-Reiter;
University Erlangen, Erlangen; Dr. R. Börnke;
Adelaide University, Adelaide, Australia; Prof. J. Timmis, Dr. C. Leach;
Universidad Complutense, Madrid, Spain; Prof. M. Puertas;
Instituto Superior de Agronomia, Centro de Botânica Aplicada à Agricultura, Lisboa, Portugal; Dr. A. Caperta, Prof. W. Viegas;
University of Wales Aberystwyth, Wales, UK; Prof. J.N. Jones;
Okayama University, Okayama, Japan; Prof. M. Murata, Dr. K. Nagaki;
Kyoto University, Kyoto, Japan; Prof. T.R. Endo, Dr. S. Nasuda, Dr. T. Nomura;
University Aalborg, Aalborg, Denmark; Prof. K.D. Grasser;
Institute for Crop and Food Research, Christchurch, New Zealand; Dr. R. Pickering;
Unité de Recherche en Génomique Végétale, Evry, France; Prof. V. Colot;
Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic; Dr. J. Dolezel;
Tel-Aviv University, Israel; Dr. S. Cohen, Prof. D. Segal;
University of St. Petersburg, St. Petersburg, Russia; Dr. N. D. Tikhenko.

Publications

Peer Reviewed Papers

- CAPERTA, A.D., M. DELGADO, F. RESSURREICAO, A. MEISTER, R.N. JONES, W. VIEGAS & A. HOUBEN: Colchicine-induced polyploidization depends on tubulin polymerization in c-metaphase cells. *Protoplasma* 227 (2006) 147–153.
- FIELD, B.L., A. HOUBEN, J.N. TIMMIS & C.R. LEACH: Internal transcribed spacer sequence analyses indicate cytoevolutionary patterns within *Brachycome* Cass. (Asteraceae). *Plant Syst. Evol.* 259 (2006) 39–51.
- FUCHS, J., D. DEMIDOV, A. HOUBEN & I. SCHUBERT: Chromosomal histone modification patterns - from conservation to diversity. (Erratum TIPS 11 (2006) 212). *Trends Plant Sci.* 11 (2006) 199–208.
- GERNAND, D., T. RUTTEN, R. PICKERING & A. HOUBEN: Elimination of chromosomes in *Hordeum vulgare* × *H. bulbosum* crosses at mitosis and interphase involves micronucleus formation and progressive heterochromatinization. *Cytogenet. Genome Res.* 114 (2006) 169–174.
- LAUNHOLT, D., T. MERKLE, A. HOUBEN, A. SCHULZ & K.D. GRASSER: *Arabidopsis* chromatin-associated HMGA and HMGB use different nuclear targeting signals and display highly dynamic localization within the nucleus. *Plant Cell* 18 (2006) 2904–2918.
- LEACH, R.C., I.S. DUNDAS & A. HOUBEN: Construction of comparative genetic maps of two 4Bs.4Bl-5R1 translocations in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Genome* 49 (2006) 729–734.
- MÜLLER, F., A. HOUBEN, P.E. BARKER, Y. XIAO, J.A. KÄS & M. MELZER: Quantum dots – a versatile tool in plant science? *J. Nanobiotechnol.* 4 (2006) 5.
- SCHROEDER-REITER, E., A. HOUBEN, J. GRAU & G. WANNER: Characterization of a peg-like terminal NOR structure with light microscopy and high-resolution scanning electron microscopy *Chromosoma* 115 (2006) 50–59.

Book Chapters

- HOUBEN, A., S.J. ORFORD & J.N. TIMMIS: *In situ* hybridization to plant tissues and chromosomes. (Methods in Molecular Biology; 326). In: Darby, I.A. & T.D. Hewitson (Eds.): *In situ* hybridization protocols, 3rd edition. Humana Press, Totowa/USA (2006) 203–218.

Lectures, Posters and Abstracts

V5, V32, V98, V99, V100, V101, V110, P3, P11, P20, P21, P22, P31, P32, P33, P101, P203.

Additional Funding

For further information see the survey page 184.

Research Group: Apomixis

Head: Dr. Timothy F. Sharbel

Scientists

IPK financed

Aliyu, Olawale Mashood, Dr. (Annex, since 01.09.2006)

Voigt, Marie-Luise (P, since 15.03.2005)

Visiting Scientists

Bringezu, Thomas, Dr. (InnoPlanta e.V., 14.08.–31.12.2006)

Douaihy, Bouchra (National Museum of Paris,
10.04.–12.05.2006)

Puente Molins, Marta (self-financed, 27.01.–31.07.2006)

Raggi, Lorenzo (Italian Science Foundation, till 31.05.12006)

Scholars

Bogic, Mirna (scholarship DAAD/IAESTE, 01.08.–31.10.2006)

Corral Garcia, José Maria, Dr. (scholarship Leibniz-DAAD,
since 24.04.2006)

Piwczynski, Marcin (scholarship DAAD/IAESTE,
10.04.–09.10.2006)

Goals

Genomic and transcriptomic analyses to identify candidate apomixis factors in wild accessions of *Hypericum perforatum*, *Poa pratensis* and in the *Boechera holboellii* complex.

Research Report

***Hypericum perforatum*:** Our work in *Hypericum* has included genomics tool building, phylogenetic analyses of apomixis expression, population analyses and genetic mapping. Previous work initiated by Dr. F. Matzk has led to the generation of $2C \times 2C$ reciprocal crosses between 4 sexual *H. perforatum* populations. Using these populations (in collaboration with E. Albertini and G. Barcaccia, Italy) we have almost completed a genetic linkage map based upon 30 microsatellite and 71 AFLP (amplified fragment length polymorphism) and TRAP (targeted region amplification polymorphism) markers. These markers will next be applied to an F2 crossing population generated from (colchicine induced) tetraploid sexual and tetraploid apomictic accessions, which show segregation for apospory.

We have additionally received over 500 wild *H. perforatum* accessions from J. Maron (University of Montana, USA), and have over 2,600 plants growing from this material. Genome

size analysis has been completed in all of the plants using our newly-developed high-throughput flow cytometry system, and has demonstrated a mixture of diploid, tetraploid and hexaploids in North America, Europe and Asia. We have another 150 working microsatellites which will be used to analyse biogeographic structure and gene flow, and high-throughput seed screen analyses (next summer) of these plants will be used to measure quantitative variation in apomixis expression. Together, the genetic and phenotypic analyses will be combined to identify genomic regions associated with quantitative variation in apomixis expression.

The *Boechera holboellii* complex: We have analysed pollen formation, fertilisation and seed formation in over 30 different *Boechera* accessions. The goals of these analyses were (1) to quantify variation in the apomictic phenotype between accessions; and (2) to test whether apomictic individuals could produce reduced pollen which could be used to fertilise sexual individuals. Using this information we have chosen 2 diploid sexual and 2 unrelated diploid apomictic accessions with relatively high fecundity, low abortion rates and little variability in seed formation. In collaboration with J. Kumlehn (IPK) we have isolated 10 live ovules in 2 different developmental stages from the 4 accessions (see Fig. 23, p. 66). This material was sent to H. Vogel (MPI Jena), who has successfully performed linear RNA amplifications using methods he has developed himself for very small tissue samples. The cDNAs (generated from the RNA amplifications) have been sent to GenXPro GmbH (Frankfurt), who are presently constructing a SuperSAGE (serial analysis of gene expression) library from a single ovule stage in all 4 accessions (50 000 sequenced transcripts per accession). H. Vogel will also use the cDNA for a hybridisation experiment to *Arabidopsis* whole-genome chips (Agilent), based upon methods he has already developed for *Boechera*. Both the SuperSAGE and *Arabidopsis* chip experiments will enable us, in a complementary manner, to identify candidate genes associated with quantitative variation in the apomixis phenotype in *Boechera*.

We have genotyped 450 populations for 10 microsatellite loci and the chloroplast TrnL intron, and have additionally sequenced two other chloroplast markers in collaboration with M. Koch and C. Dobeš (Heidelberg) to resolve the phylogenetic relationships between sexual and apomictic accessions. This phylogenetic data demonstrates (1) that the genome of apomictics is partially aneuploid for always the same chromosomal region in virtually all apomictic accessions sampled to date; and (2) that the apomictic phenotype has been repeatedly expressed from sexual ancestors. A subset of 100 accessions has been chosen from which an additional 20 mapped microsatellite markers have been generated in collaboration with T. Mitchell-Olds (Duke University, USA) in order to examine whether specific genomic regions are conserved in independently derived apomictic accessions.

Poa pratensis: In collaboration with E. Albertini and G. Barcaccia (Italy), we have been studying genetic and genome size variation in 33 accessions (both wild populations and cultivars, total 990 individuals) of *Poa pratensis*. Interestingly, a phylogeography network, based upon nuclear (microsatellite) and chloroplast markers, point to Iran and Italy as centers of *P. pratensis* diversity. This distribution of diversity is similar to that which has been found in other taxa, and could imply that Italy provided a Pleistocene (Würm) glacial refugium for this species. Our preliminary flow cytometric data show that polyploidy has originated repeatedly within this species, and furthermore that the genomes of apomictic accessions are frequently aneuploid. We are presently performing flow cytometric seed screens on the same material in order to measure quantitative variation in the apomictic phenotype in a biogeographical context.

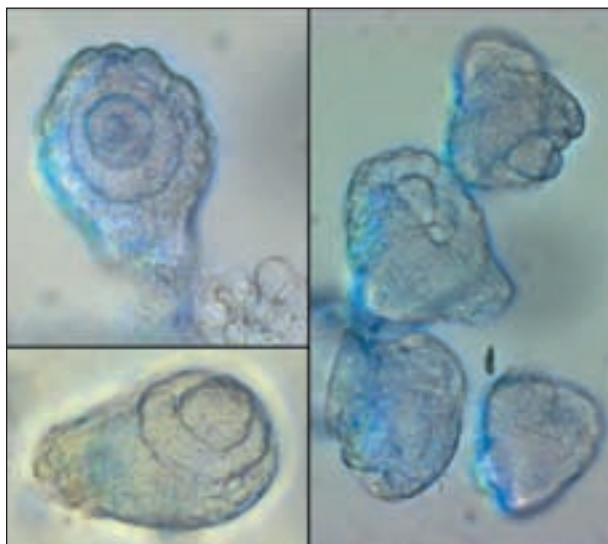


Fig. 23: Isolated ovules from apomictic *Boecheera holboellii* (20-fold magnification, M.-L. Voigt, A. Varshney, J. Kümlehn, T. Sharbel).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. Genebank, Research Group Experimental Taxonomy;
Dr. F. Blattner;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumlein;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group, Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kümlehn.

Outside the Institute:

University of Heidelberg, Institute of Plant Sciences, Department of Biodiversity and Plant Systematics, Heidelberg;
Prof. M. Koch, Dr. C. Dobeš;
Max Planck Institute for Chemical Ecology, Jena;

Dr. H. Vogel;

GeneXPro GmbH, Frankfurt am Main; Dr. B. Rotter;
Duke University, Durham, North Carolina, USA;

Prof. T. Mitchell-Olds;

Wageningen Agricultural University, Laboratory of Genetics, The Netherlands; Dr. H. de Jong;

University of Granada, Department of Genetics, Granada, Spain; Prof. J.M. Camacho;

University of Perugia, Department of Plant Biology and Agroenvironmental and Animal Biotechnology, Perugia, Italy; Dr. E. Albertini;

University of Padova, Department of Environmental Agronomy and Crop Science, Padova, Italy; Dr. G. Barcaccia;

University of Montana, Missoula, Montana, USA;

Prof. J. Maron.

Publications

Peer Reviewed Papers

BARCACCIA, G., F. ARZENTON, T.F. SHARBEL, S. VAROTTO, P. PARRINI & M. LUCCHINI: Genetic diversity and reproductive biology in ecotypes of the facultative apomict *Hypericum perforatum* L. *Heredity* 96 (2006) 322–334.

DOBES, C., M. KOCH & T.F. SHARBEL: Embryology, karyology and modes of reproduction in the North American genus *Boecheera* (Brassicaceae): a compilation of seven decades of research. *Ann. Missouri Bot. Garden* 93 (2006) 517–534.

Lectures, Posters and Abstracts

V12, V13, V235, V236, V237, V269, V270, P25, P85, P86, P87, P159, P179, P204.

Research Group: Genome Plasticity

Head: Dr. Renate Schmidt

(founded 01.10.2006)

Goals

A **comparative genomics approach** is taken to reveal patterns of **genome evolution** in members of the Brassicaceae.

Research Report

Comparative genome analysis in cruciferous plants: Previous work of the group leader and her group at the Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology focussed on the study of *Brassica napus* genome organisation. A **genetic mapping resource for *B. napus*** was established in collaboration with groups in Great Britain (I. Bancroft, John Innes Centre) and China (J. Meng, Huazhong Agricultural University, Wuhan; J. Li, Chinese Academy of Sciences, Beijing). Fragments of *A. thaliana* single-copy genes that are equally spaced within the *Arabidopsis* genome were used to identify BAC clones containing *B. napus* homologues of the genes used as probes. Consistent with the complex structure of the *B. napus* genome, the *Arabidopsis* single-copy probes revealed on average 3.6 loci in the oilseed rape genome. BAC clones representing different loci were then chosen for sub-cloning and sequencing to identify rapeseed genomic DNA fragments that are in close physical proximity to the *Brassica* homologues of the *Arabidopsis* genes used as probes. Based on these sequences, amplicons were designed and used for the development of PCR-based molecular markers. The resulting markers were mapped in a newly developed mapping population for oilseed rape. The strategy employed for marker development permits the alignment of the established *B. napus* linkage map with that of the *A. thaliana* genome sequence (D. Qiu, C. Morgan, J. Shi, Y. Long, J. Liu, R. Li, X. Zhuang, Y. Wang, X. Tan, E. Dietrich, T. Weihmann, C. Everett, S. Vanstraelen, P. Beckett, F. Fraser, M. Trick, S. Barnes, J. Wilmer, R. Schmidt, J. Li, J. Meng & I. Bancroft, *Theor. Appl. Genet.*, 2006; I. Bancroft, S. Barnes, J. Li, J. Meng, D. Qiu, R. Schmidt, M. Trick and J. Wilmer, *Acta Hort.* 2006).

Within the GABI Bridge Project that is aimed at the study of **allelic diversity** of oilseed rape *Arabidopsis* single-copy genes that probably play a major role in oil biosynthesis were chosen as candidates and used to identify the corresponding loci from a *B. napus* BAC library. All *B. napus* gene copies corresponding to the *Arabidopsis* candidate genes were sub-cloned and sequenced (K. Bach, E. Dietrich, R. Schmidt; Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology).

Currently the sequence data that have been generated in the context of the described projects for the oilseed rape genome are being exploited to assess the degree of **microcolinearity** between the *B. napus* segments and their corresponding regions in the *A. thaliana* genome. A particular emphasis is on the characterization of **aberrant gene structures** in *B. napus* because a detailed analysis of the exon/intron structures and the coding sequences of the oilseed rape genes revealed that a large proportion of the duplicated gene sequences in rapeseed may represent functionally impaired gene copies (R. Schmidt).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Epigenetics; Dr. M.F. Mette.

Outside the Institute:

Georg-August-University of Göttingen, Göttingen;

Dr. W. Ecke;

University of Zurich, Zurich, Switzerland; Dr. C. Baroux;

Chinese Academy of Sciences, Beijing, China; Prof. J. Li;

Cornell University, USA; Prof. J. Nasrallah;

Huazhong Agricultural University, Wuhan, China;

Prof. J. Meng;

John Innes Centre, Norwich, UK; Dr. I. Bancroft.

Publications

(All publications are based on work that has been carried out when Renate Schmidt was at the Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology in Golm, Germany.)

Peer Reviewed Papers

BANCROFT, I., S. BARNES, J. LI, J. MENG, D. QIU, R. SCHMIDT,

M. TRICK & J. WILMER: Establishment of an integrated marker system for oilseed rape breeding (IMSORB). *Acta Hort.* 706 (2006) 195–202.

LYSAK, M.A., A. BERR, A. PECINKA, R. SCHMIDT, K. MCBREEN & I. SCHUBERT: Mechanisms of chromosome number reduction in *Arabidopsis thaliana* and related Brassicaceae species. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103 (2006) 5224–5229.

QIU, D., C. MORGAN, J. SHI, Y. LONG, J. LIU, R. LI, X. ZHUNAG, Y. WANG, X. TAN, E. DIETRICH, T. WEIHMANN, C. EVERETT, S. VANSTRAELEN, P. BECKETT, F. FRASER, M. TRICK, S. BARNES, J. WILMER, R. SCHMIDT, J. LI, D. LI, J. MENG & I. BANCROFT: A comparative linkage map of oilseed rape and its use for QTL analysis of seed oil and erucic acid content. *Theor. Appl. Genet.* 114 (2006) 67–80.

SCHMIDT, R.: Comparative structural genome analysis - transfer of data across species. In: Freitag, J. (Ed.): *Plant genomics and bioinformatics expression micro arrays and beyond: a course book (European Training and Networking Activity)*. MPI-MPP, Potsdam-Golm (2006) 16–29.

Other Publications

SCHMIDT, R. & M. ARLT: Gene-Silencing in transgenen Pflanzen. Tätigkeitsbericht 2006. Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam. Max-Planck-Gesellschaft: Jahrbuch 2006. MPG, München (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V201, V202.

Research Group: Epigenetics

Head: Dr. Michael Florian Mette

Scientists

IPK financed

Richert-Pöggeler, Katja, Dr. (Annex, 01.06.–30.06.2006)
Weißleder, Andrea (P)

Grant Positions

Hu, Quanan, Dr. (LSA, till 30.06.2006)
Kuhlmann, Markus, Dr. (DFG/SFB)
Richert-Pöggeler, Katja, Dr. (LSA, since 01.07.2006)

Scholars

Jin, Zhibo, Dr. (scholarship Leibniz-DAAD, till 18.07.2006)

Goals

Analysis and utilisation of epigenetic control mechanisms warranting regulation and structural maintenance of plant genomes.

Research Report

RNA-directed transcriptional gene silencing (RdTGS) of transgenes in *Arabidopsis thaliana* provides a versatile experimental system to study epigenetic gene regulation. To determine the effect of **target transgene chromosomal localisation** on gene inactivation, 26 single copy target transgenes at defined chromosomal positions were combined with a silencer transgene. Measurement of target reporter gene expression and promoter DNA methylation in the resulting F1 plants and their progeny revealed a clear influence of the local sequence context. Transgenes integrated close to functional genes were on average less prone to be inactivated than transgenes close to repetitive sequences. Localisation of target transgenes in hetero- or euchromatin as defined by DAPI staining of interphase nuclei or pachytene chromosomes did not correlate with their sensitivity to silencing. The dependence of transcriptional silencing on the **target transgene structure** is studied for pairs of T-DNAs that are integrated at identical chromosomal positions, but contain two target promoter copies either in a direct or an inverted repeat arrangement. Transgenic *Arabidopsis* plants allowing the generation of such pairs *in planta* via the CRE-lox system were obtained and are crossed to plants expressing CRE-recombinase (M. Kuhlmann, M.F. Mette).

Reverse and forward genetic approaches are utilised to identify endogenous **factors counteracting gene inactivation by RdTGS** in *Arabidopsis*. Mutations in candidate genes such as the putative DNA-demethylating DNA glycosylase/lyase (*ros1*) or the putative siRNA-specific RNase (*eri1*) (see Fig. 24) are tested for their ability to enhance inactivation of existing partially silenced target transgenes. In addition, new transgenic lines for a direct screen for mutations enhancing RdTGS are becoming available. Yeast D-amino acid oxidase (DAAO) converts non-toxic D-amino acids D-Ile or D-Val to metabolites toxic to plants. After EMS mutagenesis of plants that express DAAO from a partially silenced transgene and thus are sensitive to D-Ile or D-Val, progeny that carries mutations in factors counteracting RdTGS is expected to show enhanced DAAO silencing and therefore can be identified by its resistance to the selective agents (Q. Hu, K. Richert-Pöggeler, M. Kuhlmann, M.F. Mette).

The **role of DNA methylation** in transcriptional silencing of transgenes and the control of tobacco endogenous pararetroviruses (TEPRV) was studied in *Nicotiana tabacum*. Plants homozygous for a *NtMET1* anti-sense construct revealed a reduction of CG-context methylation of transgene promoters undergoing RdTGS similar to what had been described for a comparable silencing system in *Arabidopsis met1* mutants. But in contrast to *Arabidopsis*, no transgene activation was observed upon DNA hypomethylation in tobacco. Similarly, no reactivation of silent TEPRV enhancer-GUS reporter transgenes was detected (Z. Jin, M.F. Mette).

Enhanced somatic homologous chromatin pairing at transgenic lacO tandem repeats provides a model system to analyse the role of epigenetic marks in control of nuclear architecture in *Arabidopsis*. A possible involvement of heterochromatin-associated histone H3K9 methylation is tested by introduction of mutations in members of the SUVH histone methyltransferase family (G. Jovtchev, M.F. Mette in cooperation with I. Schubert). In preparation of work on the regulation of plant DNA repair combining genetic and cytogenetic approaches, a transgene system for the targeted introduction of DNA double strand breaks is set up in parallel in *Arabidopsis* and *Crepis capillaris* (A. Weißleder, M.F. Mette in cooperation with I. Schubert). Additionally, in a more applied context, strategies for optimisation of recombinant protein expression in plant seeds by modulation of RNA silencing are tested in *Arabidopsis* and barley (A. Bruchmüller, M.F. Mette in cooperation with J. Kumlehn).

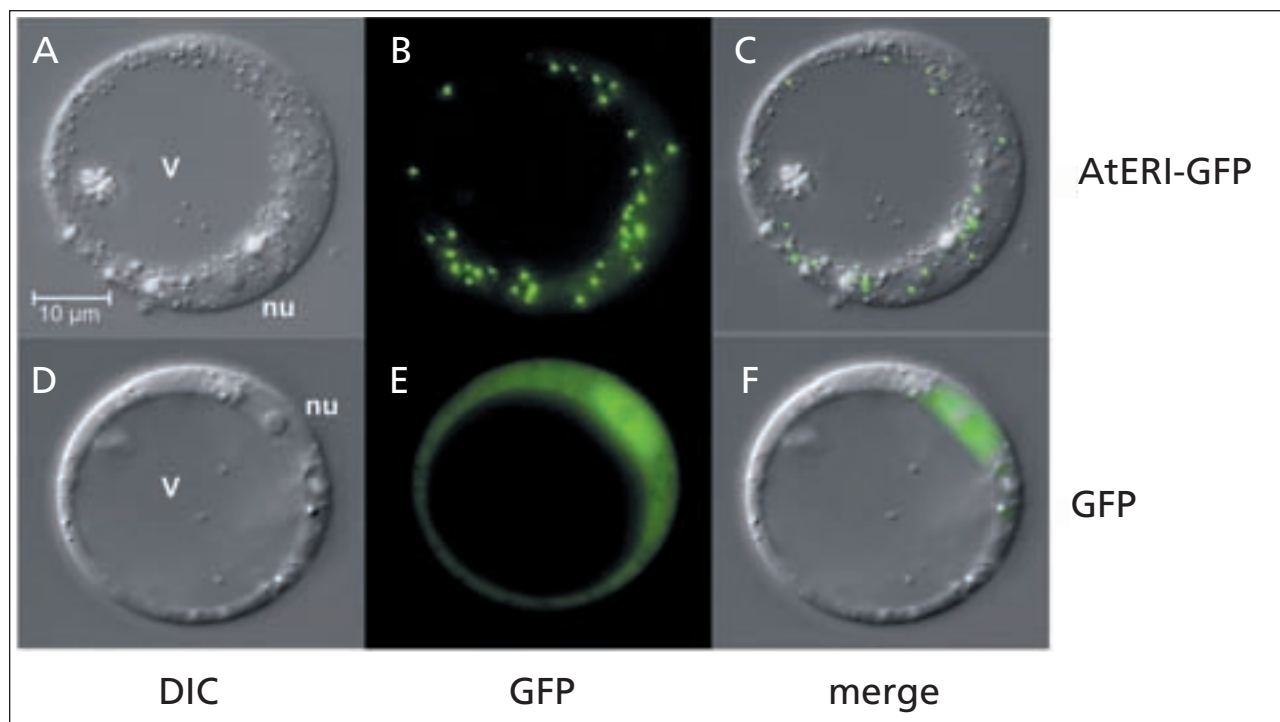


Fig. 24: IAtERI-GFP fusion protein forms bright fluorescent speckles in the cytoplasm. AtERI is the closest *Arabidopsis thaliana* homolog of RNase E1 involved in siRNA degradation in *Caenorhabditis elegans* (Kennedy et al., Nature 2004). To analyse its subcellular localization, an expression cassette for an AtERI - green fluorescence protein (GFP) fusion protein under control of the strong constitutive CaMV 35S promoter was constructed and transiently transformed into *Arabidopsis* suspension culture protoplasts (A, B, C). Transformation with an expression cassette for plain GFP controlled by the same promoter was used as a control (D, E, F). Depicted are for representative transformed protoplasts (A, D) differential interference contrast (DIC) images, (B, E) GFP fluorescence images taken with settings λ (excitation) = 488 nm and λ (emission) = 505-550 nm and (C, F) a merge of DIC and GFP fluorescence images. Abbreviations indicate v-vacuole and nu-nucleus with nucleolus visible in the middle. The white size-bar in A indicates 10 μ m. Plain GFP showed cytoplasmic and nuclear localization with predominant fluorescence in the nucleus most likely due to retention by the nuclear envelope, while AtERI-GFP fusion protein was restricted to the cytoplasm where it formed bright fluorescent speckles (M. Kuhlmann, V. Schubert).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Prof. I. Schubert;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Genome Plasticity, Dr. R. Schmidt;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. A. Tewes;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlenn.

Outside the Institute:

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Genetics, Halle/S.; Prof. G. Reuter;
 Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Vienna, Austria; Dr. M.A. Matzke, Dr. A.J.M. Matzke;
 Université de Genève, Laboratoire de Génétique Végétale, Genève, Switzerland; Prof. J. Paszkowski.

Lectures, Posters and Abstracts

V162, V163, V164, V165, V166, P11, P71, P72, P73, P92, P93, P94, P95, P96, P218, P219.

Additional Funding

For further information see the survey page 184.

Research Group: Pattern Recognition

Head: Dr. Udo Seiffert

Scientists

IPK financed

Czauderna, Tobias (Annex, since 01.09.2006)

Grant Positions

Bollenbeck, Felix (BMBF, since 15.11.2006)

Brüss, Cornelia (BMBF)

Czauderna, Tobias (BMBF, till 31.08.2006)

Ihlow, Alexander, Dr. (BMBF)

Pielot, Rainer, Dr. (DFG, 15.03.–31.08.2006; BMBF, since 01.09.2006)

Strickert, Marc, Dr. (BMBF)

Goals

Recognition of spatio-temporal developmental patterns at cell and organ level utilising computer science and engineering methods.

Research Report

One main focus of the Pattern Recognition Group is the analysis of spatio-temporal development patterns, driven by two subprojects within the Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH).

One subproject, accomplished in collaboration with the Transcriptome Analysis Group, has successfully been finished in 2006. The project was started in January 2003 with the aim to develop a **high-throughput screening system for automated analyses of plant-pathogen interactions** on the basis of a motorised microscope. Since the development of the necessary image analysis and pattern recognition algorithms as well as the microscope control software were finished by the end of 2005, all components were integrated and the system reached its active operations stage now Schweizer (Schweizer et al. 2006). To test its reliability both in terms of high-throughput capability and trustworthy results, a double-blind test was performed: Two microscope slides per experiment were screened manually as well as by the automated system. As indicated in Fig. 25, both methods yielded similar results. Now, the system is in routine use to search for defense-related genes in barley (A. Ihlow, U. Seiffert).

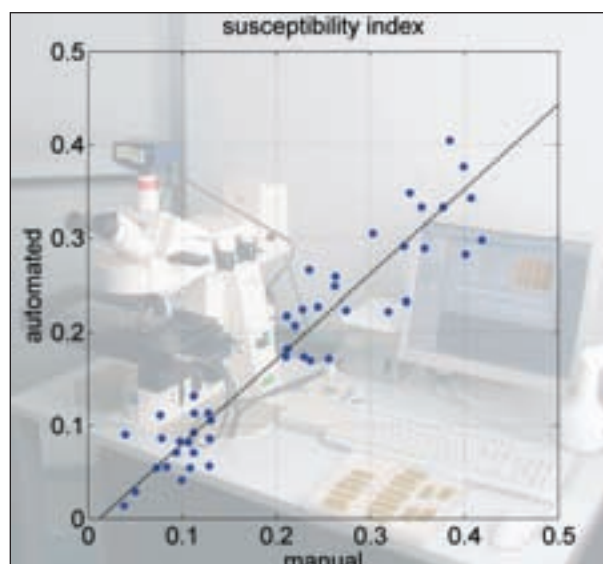


Fig. 25: Comparison between manual and automated screening by means of about 40 independent experiments (A. Ihlow).

In the context of highly resolved 3-D modeling of barley grains (cooperation with the Gene Expression Group) the recently developed segmentation techniques were improved and refined. New texture features such as statistical features based on co-occurrence matrices were successfully applied. Alternatively, decision-tree based classifiers (DIPOL, CAL5) were evaluated. In cooperation with the Zuse Institute Berlin the first model segment based on automatic registration and automatic segmentation was generated (C. Brüß, M. Höffken, F. Bollenbeck, U. Seiffert).

NMR imaging of barley grains allows to obtain 3-D images by non-invasive treatment of the biological material. In contrast to conventional histological cross-sections, obtained by classical microscopy, NMR imaging enables to visualise biological structures as native 3-D datasets (see Fig. 26, p. 72). In a new collaboration with the Fraunhofer Institute for Biomedical Engineering (IBMT) and the Gene Expression Group, histological data are incorporated into NMR models to visualise spatio-temporal expression gradients in the barley grain during seed development. Images of barley grains at different developmental stages are obtained at the IBMT (voxelsize about 15x15x30 µm). After pre-processing of the NMR datasets, iterative intensity-based warping techniques generate virtual intermediate stages, using the measured datasets as reference (4-D warping). This procedure reconstructs a complete development time series, visualising the morphological changes during the grain development. In addition, the NMR datasets have to be segmented to identify different biological structures. Finally, the histological cross-sections can be aligned to the NMR datasets, realising an integrative visualisation of morphological and gene expression data in a 3-D model. First attempts of multimodal alignment show, that mutual information can probably serve as a good quality criterion. This interdisciplinary joint project aims at an integrative ap-

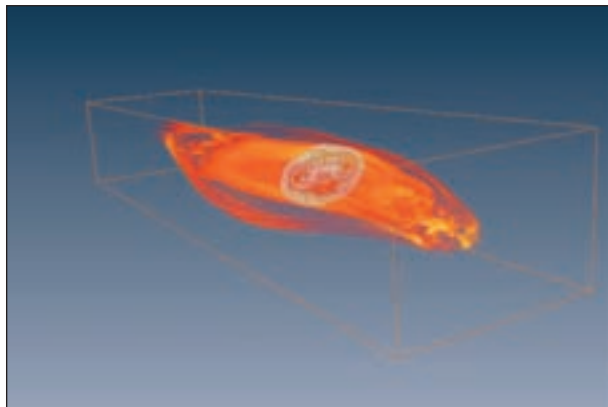


Fig. 26: NMR dataset of barley grain (7 days after flowering) visualized as volume rendering with aligned cross-section (courtesy of D. Weier, Gene Expression). Software package: AMIRA™, Mercury Computer Systems (R. Pielot).

proach and systems biological analysis for understanding developmental processes in the barley grain (R. Pielot, C. Brüb, U. Seiffert).

New computing methods have been developed that address two major tasks in data analysis: **faithful visualisation of high-dimensional data** and **identification of potentially interesting data attributes**. Technically, these two issues are handled by a common theoretical framework that involves a combination of paradigms from unsupervised artificial neural network learning. The resulting methods have been successfully applied to temporal pattern mining in barley gene expression data (Strickert et al. 2006c, Sreenivasulu et al. 2006), to identify candidate genes in developing barley endosperm tissue (Strickert et al. 2006 und 2006a), to biomarker derivation from HPLC chromatogram data of tomato peels (Strickert et al. 2006b), and to selection and visualization of key attributes in complex microscope image features for image segmentation (C. Brüb et al. 2006a). The tool development was based on interaction with N. Sreenivasulu (Gene Expression), C. Pietsch (Gene and Genome Mapping), and S. Peterék (Applied Biochemistry) (M. Strickert, U. Seiffert).

In collaboration with the Research Group Applied Biochemistry a tool has been developed for **interactive visualisation and inspection of complex HPLC and UPLC data**. This tool extends the functionality of standard analysis software, such as Waters Empower™ and Waters MassLynx™. The software is applicable for complex HPLC and UPLC datasets (entire spectra of a number of chromatograms) with interactive navigation through the datasets to get an overview as well as to get a detailed view regarding an experiment. Currently, the software can be used for datasets imported from Empower™ and MassLynx™, an extension to datasets from other analysis software is possible (T. Czaundera, U. Seiffert).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Taxonomy & Evolutionary Biology; Dr. S. Jakob;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Transcriptome Analysis; Dr. P. Schweizer;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. W. Weschke;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Network Analysis; Dr. F. Schreiber;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlehn;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock.

Outside the Institute:

Otto-von-Guericke-University of Magdeburg, Institute of Electronics, Signal Processing and Communications, Magdeburg; Prof. B. Michaelis;
 Martin-Luther-University of Halle-Wittenberg, Institute of Computer Science, Halle/S.; Prof. S. Posch;
 Fraunhofer Institute for Factory Operation and Automation, Magdeburg; Dr. R. Mecke;
 University of Leipzig, Clinic for Psychotherapy, Leipzig; Dr. T. Villmann;
 Konrad Zuse Institute, Dept. of Scientific Visualisation, Berlin; Prof. H.-C. Hege;
 Technical University of Clausthal, Theoretical Computer Science and Computational Intelligence, Clausthal-Zellerfeld; Prof. B. Hammer;
 Fraunhofer Institute for Biomedical Engineering (IBMT), St. Ingbert; Dr. F. Volke;
 University of South Australia, Adelaide, Knowledge-based Engineering Group, Adelaide, Australia; Prof. L.C. Jain.

Publications

Peer Reviewed Papers

- SREENIVASULU, N., V. RADCHUK, M. STRICKERT, O. MIERSCH, W. WESCHKE & U. WOBUS: Gene expression patterns reveal tissue-specific signaling networks controlling programmed cell death and ABA-regulated maturation in developing barley seeds. *Plant J.* 47 (2006) 310–327.
- STRICKERT, M., U. SEIFFERT, N. SREENIVASULU, W. WESCHKE, T. VILLMANN & B. HAMMER: Generalized relevance LVQ (GRLVQ) with correlation measures for gene expression analysis. *Neurocomputing* 69 (2006) 651–659.
- STRICKERT, M., N. SREENIVASULU, S. PETEREK, W. WESCHKE, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT: Unsupervised feature selection for biomarker identification in chromatography and gene expression data. In: Schwenker, F. & S. Marinai (Eds.): *Artificial neural networks in pattern recognition: second*

IAPR Workshop, ANNPR 2006, Ulm, Germany, August 31 – September 2, 2006. Proceedings. (Lecture Notes in Artificial Intelligence; 4087). Springer, Berlin (2006a) 274–285.

TAUTENHAHN, R., A. IHLOW & U. SEIFFERT: Adaptive feature selection for classification of microscope images. In: BLOCH, I., A. PETROSINO & A.G.B. TETTAMANZI (Eds.): WILF 2005 (Lecture Notes in Artificial Intelligence; 3849). Springer, Heidelberg (2006) 215–222.

VILLMANN, T., B. HAMMER & U. SEIFFERT: Perspectives of self-adapted self-organizing clustering in organic computing. *Lect. Notes Comput. Sci.* 3853 (2006) 141–159.

VILLMANN, T., U. SEIFFERT, F.-M. SCHLEIF, C. BRÜB, T. GEWENIGER & B. HAMMER: Fuzzy labeled self-organizing map with label-adjusted prototypes. In: SCHWENKER, F. & S. MARINAI (Eds.): Artificial neural networks in pattern recognition: second IAPR Workshop, ANNPR 2006, Ulm, Germany, August 31 – September 2, 2006. Proceedings. (Lecture Notes in Artificial Intelligence; 4087). Springer, Berlin (2006) 46–56.

Book Chapters

BRÜB, C., F. BOLLENBECK, F.-M. SCHLEIF, W. WESCHKE, T. VILLMANN & U. SEIFFERT: Fuzzy image segmentation with fuzzy labelled neural gas. Proceedings of the 14th European Symposium on Artificial Neural Networks 'ESANN 2006', Bruges, Belgium. D-Side Publications, Evere/Belgium (2006) 563–568.

BRÜB, C., M. STRICKERT & U. SEIFFERT: Towards automatic segmentation of serial high-resolution images. In: Handels, H., J. Ehrhardt, A. Horsch, H.-P. Meinzer & T. Tolxdorff (Eds.): Bildverarbeitung für die Medizin 2006: Algorithmen, Systeme, Anwendungen. Springer, Heidelberg (2006a) 126–130.

IHLOW, A. & U. SEIFFERT: Adaptive color spaces based on multivariate Gaussian distributions for colour image segmentation. In: Zentrum für Bild- & Signalverarbeitung e.V. (Eds.): 12. Workshop Farbbildverarbeitung. 5.–6. Oktober 2006, Ilmenau. Zentrum für Bild- und Signalverarbeitung, Ilmenau (2006) 86–96.

SEIFFERT, U.: Training of large-scale feed-forward neural networks. 2006 IEEE World congress on computational intelligence. Final program and book of abstracts. IEEE, Vancouver/Canada (2006) 10780–10785.

SEIFFERT, U., B. HAMMER, S. KASKI & T. VILLMANN: Neural networks and machine learning in bioinformatics – theory and applications. Proceedings of the 14th European Symposium on Artificial Neural Networks 'ESANN 2006', Bruges, Belgium. D-Side Publications, Evere/Belgium (2006) 521–532.

STRICKERT, M., T. CZAUDERNA, S. PETEREK, A. MATROS, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT: Full-length HPLC signal clustering and biomarker identification in tomato plants. In: RUAN, D., P. D'HONDT, P.F. FANTONI, M. DE COCK, M. NACHTEGAEL & E.E. KERRE (Eds.): Applied artificial intelligence: Proceedings of the 7th International FLINS Conference, Genova, Italy, 29–31 August 2006. World Scientific, Singapore (2006b) 549–556.

STRICKERT, M., N. SREENIVASULU & U. SEIFFERT: Sanger-driven MDS-Localize – a comparative study for genomic data. Proceedings of the 14th European Symposium on Artificial Neural Networks 'ESANN 2006', Bruges, Belgium. D-Side

Publications, Evere/Belgium (2006c) 265–270.

Other Publications

SCHWEIZER, P., A. IHLOW & U. SEIFFERT: Hochdurchsatz-Phänomalanalyse in Getreide: Auf der Jagd nach der Funktion pflanzlicher Gene bei Pathogenbefall. *GenomXPress* 2/06 (2006) 16–19.

PhD and Diploma Thesis

IHLOW, A.: Ein Hochdurchsatz-Screeningsystem zur Objekterkennung in Mikroskop-Farbbildern im Rahmen der Analyse pflanzlicher Pathogenresistenz. (PhD Thesis) Fakultät für Elektrotechnik und Informationstechnik, Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg (2006) 136 pp.

HÖFFKEN, M.: Adaption von Merkmalen an einen nachgeschalteten Klassifikator in einem System zur Segmentierung von Bilddaten. (Diploma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006).

BOLLENBECK, F.: Wahrscheinlichkeitsbasierte Segmentierung von Mikroskopbildern. (Diploma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006).

SCHULZE, C.: Intelligente automatische Bildaufnahmesteuerung zum computergestützten Hochdurchsatz-Screening in einem biologischen System mittels Mikroskop-Farbbildanalyse. (Diploma Thesis) Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V41, V42, V102, V229, V230, V231, V232, V233, V257, V258, V259, V260, V261, V262, V263, P18, P19, P26, P27, P145, P146, P181, P182, P183, P184, P185, P191, P192, P202, P223.

Additional Funding

For further information see the survey page 184–185.

Research Group: *In vitro* Differentiation

Head: Prof. Anna M. Wobus

Scientists

IPK financed

Daniel-Wojcik, Anna (Annex, till 30.09.2006)

Wiese, Cornelia (Annex, 01.09.–31.10.2005)

Grant Positions

Daniel-Wojcik, Anna (EU, since 01.10.2006)

Nikolova, Teodora, Dr. (EU, till 31.12.2006)

Rolletschek, Alexandra, Dr. (EU, till 31.10.2006)

Schröder, Insa, Dr. (DFG)

Sulzbacher, Sabine, Dr. (BMBF)

Visiting Scientists

Mohseni, Paria (self-financed, 27.09.–28.10.2006)

Singh, Gurbind (DAAD, 18.04.–28.04.2006)

Scholars

Truong, Thuy Thu (scholarship Vietnam)

Goals

Analysis of regulatory mechanisms of *in vitro* differentiation of mouse embryonic stem (ES) cells into the pancreatic, hepatic and cardiogenic lineage. In parallel to ES cells, the *in vitro* differentiation capacity of human cord blood-derived cells is analysed.

Research Report

Analysis of pancreatic differentiation: Our lab has successfully established a new three-step protocol for the differentiation of ES cells into pancreatic insulin-producing cells (Schroeder et al. 2006a, b; Blyszczuk and Wobus 2006). Regardless of this achievement ("proof-of-principle" for the generation of functional islet-like cells) it is still necessary to increase the efficiency of pancreatic differentiation and to analyse potential regulatory factors during pancreatic differentiation *in vitro*. To identify pancreatic regulatory molecules, Affymetrix analysis was performed with undifferentiated ES cells, pancreatic progenitor and differentiated pancreatic cells derived from wild type and Pax4+ transgenic cells. Real-time RT-PCR and immunofluorescence studies revealed that C-peptide/insulin-positive cells co-expressed endoderm (i.e. FoxA1) and endocrine (i.e. transthyretin, chromogranin)-specific proteins in cells at the pancreatic

progenitor stage. In addition, angiogenic factors are important in the differentiation of pancreatic cells (Rolletschek et al., in preparation).

Moreover, the pancreatic differentiation studies showed a close relationship between pancreatic and neuronal differentiation *in vitro* (Rolletschek et al. 2006). To selectively increase the level of endoderm cells and to suppress neuronal cell differentiation, the influence of the signalling molecule activin A on pancreatic *versus* neural differentiation is being analysed (I. Schroeder, T. Truong).

Another strategy to selectively enrich the amount of pancreatic progenitor cells is based on lineage selection. Here we developed an Isl-1/EGFP expression vector to selectively isolate (EGFP-positive) progenitor cells expressing the pancreas-specific regulatory gene *isl-1*. After transfection of ES cells, *Isl-1-EGFP* expressing cells are currently selected and tested for homologous integration by Southern blotting. Suitable cell clones will be used for pancreatic differentiation (ongoing studies by S. Sulzbacher).

Differentiation of ES cells into hepatocyte-like cells: The three-step hepatic differentiation system for the development of functional hepatic cells enabled the formation of hepatocyte-, bile duct epithelial- and oval-like cells (Blyszczuk et al. 2006). However, the amount of hepatic cells and the maturation status have to be improved. Chromatin-modifying substances are now being used to activate hepatic differentiation and to increase functional properties (current studies by A. Daniel-Wojcik).

Generation of somatic progenitor cells from mouse intestinal epithelium into nestin+ cells (INPs): The *in vivo* and *in vitro* characterisation of the nestin-positive cells (INPs) isolated from adult intestinal epithelium was finished and the data have been published (Wiese et al. 2006).

Activation of proliferation and differentiation of cord blood-derived CD133+ cells by WNT signalling molecules: We found that WNT-conditioned media differentially affect the proliferation and differentiation of cord blood-derived CD133+ cells *in vitro*. Specifically, WNT3a-CM increased, whereas WNT4-CM decreased, nestin expression at the transcript and protein level. Moreover, the number of endothelial cells was increased in cells following culture in WNT5a- and WNT11-CM (Nikolova et al. 2006).

Analysis of the activity of Suramin on the differentiation of sinusnode-like cells: Until now, no *in vitro* differentiation system or any methods are available for the directed generation of sinusnode-like cells of the cardiac system. We found that Suramin applied at a specific time window of ES-derived cardiac differentiation specifically induced the formation of sinusnode-like cells. The cellular properties of the sinusnode-like cells were characterised at the transcript and protein level and by electrophysiological studies (Wiese et al., in preparation).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Dr. J. Fuchs;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer.

Outside the Institute:

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Anatomy and Cell Biology, Halle/S.; Dr. A. Navarrete-Santos;
University of Leipzig, Laboratory of Molecular Medicine, IZKF, Leipzig; Dr. M. Cross;
Max Delbrück Center of Molecular Biology, Berlin-Buch; Dr. N. Hübner, Dr. H. Schulz;
University of Dresden, Dept. of Pharmacology and Toxicology, Dresden; Prof. U. Ravens;
University of Bonn, Institute of Reconstructive Neurobiology, Bonn; Prof. O. Brüstle;
National Institute on Aging (NIA), NIH, Laboratory of Cardiovascular Science, Baltimore, USA; Prof. K. Boheler;
University of Toronto, Samuel Lunenfeld Research Institute, Toronto, Canada; Dr. A. Nagy, P. Mohseni.

Publications

Peer Reviewed Papers

- HABERLAND, A., F.N. GELLERICH, A.M. WOBUS & M.H.P. WUSSLING: Calcium signals in cardiac myocytes derived from mouse embryonic stem cells. *Medical News* 75 Supl. 2 (2006) 22–28.
- ROLLETSCHKE, A., G. KANIA & A.M. WOBUS: Generation of pancreatic insulin-producing cells from embryonic stem cells – 'proof of principle', but questions still unanswered. *Diabetologia* 49 (2006) 2541–2545.
- SCHROEDER, I.S., G. KANIA, P. BLYSZCZUK & A.M. WOBUS: Insulin-producing cells. *Methods Enzym.* 418 (2006) 315–333.
- SCHROEDER, I.S., A. ROLLETSCHKE, P. BLYSZCZUK, G. KANIA & A.M. WOBUS: Differentiation of mouse embryonic stem cells to insulin-producing cells. *Nature Protocols* 1 (2006) 495–505.
- TONACK, S., A. ROLLETSCHKE, A.M. WOBUS, B. FISCHER & A. NAVARRETE SANTOS: Differential expression of glucose transporter isoforms during embryonic stem cell differentiation. *Differentiation* 74 (2006) 499–509.
- WIESE, C., A. ROLLETSCHKE, G. KANIA, A. NAVARRETE-SANTOS, S.V. ANISIMOV, B. STEINFARZ, K. V. TARASOV, S. A. BRUGH, I. ZAHANICH, C. RÜSCHENSMIDT, H. BECK, P. BLYSZCZUK, J. CZYZ, J.F. HEUBACH, U. RAVENS, O. HORSTMANN, L. ST.-ONGE, T. BRAUN, O. BRÜSTLE, K.R. BOHELER & A.M. WOBUS: Signals from embryonic fibroblasts induce adult intestinal epithelial cells to form nestin-positive cells with proliferation and multilineage differentiation capacity *in vitro*. *Stem Cells* 24 (2006) 2085–2097.
- WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell-derived cardiac, neuronal and pancreatic cells as models to study toxicological effects. *Mutagenesis* 21 (2006) 283–284.

Books and Book Chapters

- BLYSZCZUK, P., G. KANIA & A.M. WOBUS: *In vitro* differentiation of mouse ES cells into pancreatic and hepatic cells. In: NOTARIANNI, E. & M.J. EVANS (Eds.): *Embryonic stem cells: a practical approach*. Oxford Univ. Press, Oxford/UK (2006) 218–237.
- BLYSZCZUK, P. & A.M. WOBUS: *In vitro* differentiation of embryonic stem cells into the pancreatic lineage. In: TURKSEN, K. (Ed.): *Embryonic stem cell protocols*, Vol. 2: Differentiation models, 2nd ed. (Methods in Molecular Biology; 330). Humana Press, Totowa/USA (2006) 373–385.
- TER MEULEN, V. & A.M. WOBUS (Eds.): International conference: embryonic and somatic stem cells – regenerative systems for cell and tissue repair. *Nova Acta Leopoldina N.F.* 95 (2006) 1–244.
- WIESE, C., G. KANIA, A. ROLLETSCHKE, P. BLYSZCZUK & A.M. WOBUS: Pluripotency: capacity for *In vitro* differentiation of undifferentiated embryonic stem cells. In: PELLIS, S. (Ed.): *Nuclear reprogramming: methods and protocols*. (Methods in Molecular Biology; 325). Humana Press, Totowa/USA (2006) 181–205.
- WOBUS, A.M.: Gegenwärtiger Stand und Probleme der Stammzellforschung in Deutschland. In: WINK, R. (Ed.): *Deutsche Stammzellpolitik im Zeitalter der Transnationalisierung*. Nomos, Baden-Baden (2006) 9–21.
- WOBUS, A.M.: Stammzellforschung: Perspektiven und Probleme in Deutschland. Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (vormals Preußische Akademie der Wissenschaften): *Berichte und Abhandlungen Band 12*. Akademie-Verl., Berlin (2006) 63–76.
- WOBUS, A.M. & K.R. BOHELER (Eds.): *Stem cells*. (Handbook of Experimental Pharmacology; 174). Springer, Berlin (2006) 414 pp.
- WOBUS, A.M., F. HUCHO, W. VAN DEN DAELE, K. KÖCHY, J. REICH, H.-J. RHEINSBERGER, B. MÜLLER-RÖBER, K. SPERLING, M. BOYSEN & M. KÖLSCH (Eds.): *Stammzellforschung und Zelltherapie: Stand des Wissens und der Rahmenbedingungen in Deutschland*. Supplement zum Gentechnologiebericht. (Forschungsberichte der Interdisziplinären Arbeitsgruppen der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften). Elsevier Spektrum Akad. Verl., München (2006) 295 pp.

PhD and Diploma Thesis

- KAISER, C.E.: Pankreatische Differenzierung von embryonalen Stammzellen, die Ngn3 und NeuroD1 konstitutiv exprimieren. (Diploma Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V8, V19, V20, V183, V184, V194, V195, V196, V214, V290,
V291, V292, V293, V294, V295, V296, V297, V298,
V299, V300, P28, P40, P124, P134, P135, P163, P164, P171,
P172, P173, P174, P175, P198, P200.

Additional Funding

For further information see the survey page 185.

Program: Genome Analysis

Research Group: Transcriptome Analysis

Head: Dr. Patrick Schweizer

Scientists

IPK financed

Douchkov, Dimitre, Dr. (Annex, till 31.01.2006)

Gay, Alexandra, Dr. (Annex)

Nowara, Daniela (P)

Grant Positions

Chen, Wanxin, Dr. (Technical University Munich, since 01.12.2006)

Douchkov, Dimitre, Dr. (D1010124, since 01.02.2006)

Himmelbach, Axel, Dr. (D1010124)

Johrde, Annika (EU)

Liu, Luo (D1010124, since 01.04.2006)

Marzin, Stephan (LSA)

Visiting Scientists

Basak, Jolly (IPB Halle, 11.12.–22.12.2006)

Buck-Sorlin, Gerhard, Dr. (Technical University Cottbus)

Fuerst, Greg (US Department of Agriculture, 08.12.–22.12.2006)

Metzner, Ernst (University Halle-Wittenberg/LSA)

Zimmermann, Grit (self-financed, till 31.12.2006)

Scholars

Yu, Shuancang (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)

Goals

Transcriptome analysis in pathogen-attacked and drought-stressed barley and genetic engineering for enhanced stress resistance.

Research Report

Phenomics of pathogen-attacked barley: The main objective of the first project is **detailed functional analysis and testing of the application potential of barley genes required for nonhost resistance**. The genes of interest were derived from a single-cell RNAi high-throughput screening called TIGS (Transient Induced Gene Silencing, see Annual Report of 2005) in barley epidermal cells attacked by the wheat powdery mildew. Five out of 11 candidate genes

whose knock-down caused not only a reproducible weakening of nonhost resistance but also affected host basal resistance were analysed further. These 5 genes only encode a cellulose-synthase-like protein, a stomatin-like protein, a subtilisin-like protein, an Armadillo repeat-containing protein, and a receptor kinase-like protein. Interestingly, we observed transgenomic complementation in wheat attacked by the wheat powdery mildew by BAC clones of barley that contain either the Armadillo repeat-containing protein or the receptor kinase-like protein. Transgenic barley and wheat plants that carry overexpression or RNAi constructs of these five genes have been produced in cooperation with the Plant Reproductive Biology group (J. Kümlehn, G. Hensel). T₀ transgenic plants are currently being analysed for the presence of intact copies of the corresponding constructs (D. Douchkov).

The second project is aimed at **identifying genes** from barley that are required for **basal host resistance or for host susceptibility** in a compatible interaction with barley powdery mildew. A set of approx. 500 differentially expressed host genes that has been identified in the epidermis of pathogen-attacked leaves have been tested for modulation of basal resistance or susceptibility in the TIGS system. For this screening, a fully-automated microscopic system for image production and analysis has been used. This novel robot system has been developed in the Pattern Recognition group (U. Seiffert, A. Ihlow). Forty seven host genes causing a strongly affected basal resistance after knock-down have been identified and are being re-tested in four additional biological replications. One group of RNAi constructs directed against polyubiquitin genes of barley caused extreme host susceptibility and motivated us to examine protein turnover and polyubiquitination in pathogen-attacked barley epidermis in more detail. It became clear that protein polyubiquitination is a key event in the interaction of barley with powdery mildew (D. Douchkov, W. Dong).

The novel phenomenon of attenuation of fungal development on barley epidermal cells expressing **RNAi constructs directed against pathogen-derived transcripts** (named "Host-Induced Gene Silencing", HIGS) is being further analysed. For this purpose, we produced – in cooperation with Plant Reproductive Biology group - transgenic barley carrying RNAi constructs directed against beta-1,3-glucosyltransferases of powdery mildew, which were top candidates from a previous TIGS screening. Moreover, we established virus-induced gene silencing (VIGS) based on the barley stripe mosaic virus (D. Nowara, A. Gay).

Promoter development: Stringent analysis of approximately 4 Mio data points from cDNA array experiments revealed a number of genes specifically up-regulated by pathogens. Promoters of several genes are being cloned by using the Genome Walker method and will be tested fused to the *GUS*-reporter gene. The functional architecture of the previously identified, pathogen-regulated HvGER4c promoter has been dissected by deletion and mutation experiments. It turned out that a series of eight TATA-box proximal W-boxes are necessary for promoter inducibility. Transgenic

plants carrying HvGER4c:GUS fusion constructs were found to express the GUS reporter gene only at sites of fungal attack (A. Himmelbach, D. Müller).

Drought tolerance: The aim of this project is to identify new candidate genes for osmotic-stress (drought) tolerance in barley by high-throughput RNAi. Therefore, a new transient assay (TIGS2) that is based on (un)impaired accumulation of the homotetrameric dsRED reporter protein has been developed. Proof of concept has been obtained by testing the effect of approximately 20 candidate genes like HvDRF1.3 (DREB2-like) known as key regulators of drought tolerance (S. Marzin).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity; Dr. N. Stein, Prof. A. Graner;
Dept. of Genebank, Research Group Experimental Taxonomy; Dr. F. Blattner;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Pattern Recognition; Dr. U. Seiffert;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Expression Mapping; Dr. L. Altschmied;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlehn;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumllein.

Outside the Institute:

BASF Plant Science, Ludwigshafen; Dr. M. Frank;
Leibniz-Institute of Plant Biochemistry, Halle/S.; Dr. W. Knogge;
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S.; Prof. K. Humbeck;
Max Planck Institute of Plant Physiology, Golm; Dr. J. Fisahn;
Rheinisch-Westfälische Technische Universität, Aachen, Dr. U. Schaffrath;
Agricultural Research Institute, Martonvasar, Hungary; Dr. G. Galiba;
Biological Research Institute, HAS, Szeged, Hungary; Dr. J. Gyorgyey;
Risø National Laboratory, Dept. Plant Research, Roskilde, Denmark; Dr. M. Lyngkjaer;
Scottish Crop Research Institute, Dundee, UK; Dr. Ch. Lacomme;
University of Iowa, Ames, USA; Prof. R. Wise.

Publications

Peer Reviewed Papers

- DONG, W., D. NOWARA & P. SCHWEIZER: Protein polyubiquitination plays a role in basal host resistance of barley. *Plant Cell* 18 (2006) 3321–3331.
- MATROS, A., S. AMME, B. KETTIG, G.H. BUCK-SORLIN, U. SONNEWALD & H.-P. MOCK: Growth at elevated CO₂ concentrations leads to modified profiles of secondary metabolites in tobacco cv. Samsun NN and to increased resistance against infection with potato virus Y. *Plant Cell Environ.* 29 (2006) 126–137.
- TRUJILLO, M., L. ALTSCHMIED, P. SCHWEIZER, K.H. KOGEL & R. HUCKELHOVEN: Respiratory burst oxidase homologue A of barley contributes to penetration by the powdery mildew fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. *J. Exp. Bot.* 57 (2006) 3781–3791.
- ZIMMERMANN, G., H. BÄUMLLEIN, H.-P. MOCK, A. HIMMELBACH & P. SCHWEIZER: The multigene family encoding germin-like proteins of barley. Regulation and function in basal host resistance. *Plant Physiol.* 142 (2006) 181–192.

Book Chapters

- BUCK-SORLIN, G., O. KNIEMEYER & W. KURTH: Physiologie und Morphologie der Pappel (*Populus* sp.) modelliert mit Relationalen Wachstumsgrammatiken. In: WUNN, U. (Ed.): Die grüne Reihe: Deutscher Verband Forstlicher Forschungsanstalten, Sektion Forstliche Biometrie und Informatik, 17. Tagung, Freiburg, 26. bis 28. September 2005. Forschungsanstalt für Waldökologie und Forstwirtschaft Rheinland-Pfalz, Trippstadt (2006) 1–11.
- KURTH, W., G. BUCK-SORLIN & O. KNIEMEYER: Relationale Wachstumsgrammatiken: Ein Formalismus zur Spezifikation multiskalierter Struktur-Funktions-Modelle von Pflanzen. In: MLUV DES LANDES BRANDENBURG (Ed.): Modellierung pflanzlicher Systeme aus historischer und aktueller Sicht: Symposium zu Ehren von Prof. Dr. Dr. h. c. Eilhard Alfred Mitscherlich. (Schriftenreihe des Landesamtes für Verbraucherschutz, Landwirtschaft und Flurneuordnung; Abteilung Landwirtschaft und Gartenbau; Reihe Landwirtschaft Band 7, Heft 1). Landesamt für Verbraucherschutz, Landwirtschaft und Flurneuordnung, Frankfurt/O. (2006) 36–45.

Other Publications

- GALIBA, G., G. KOCSY, A. VÁGÚKFAÖVO, N. STEIN, P. SCHWEIZER, J. DUBCOVSKY & L. CATTIVELLI: Gene identification by transcript profiling and real time PCR during cold acclimation using wheat 5A chromosome substitution and recombinant lines. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 33–37.

SCHWEIZER, P., A. IHLLOW & U. SEIFFERT: Hochdurchsatz-Phänom-
analyse in Getreide: Auf der Jagd nach der Funktion
pflanzlicher Gene bei Pathogenbefall. *GenomXPress* 2/06
(2006) 16–19.

WEIDNER, A., R.K. VARSHNEY, G.H. BUCK-SORLIN, N. STEIN, A. GRA-
NER & A. BÖRNER: QTLs for salt tolerance in three different
barley mapping populations. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ &
J.W. SNAPE (Eds.): *European Wheat Aneuploid Co-ope-
rative Newsletter 2006* (Proceedings of the 13th interna-
tional EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research
Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK
Gatersleben – Research Institute of Crop Production
Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park,
Norwich/UK (2006) 51–55.

Patents

SCHWEIZER, P., DOUCHKOV, D., NOWARA, D.: Verfahren zur Er-
höhung der Pilzresistenz in transgenen Pflanzen durch
wirtsinduzierte Unterdrückung der Genexpression in Pilz-
pathogenen. WO 2006/097465 A2, Anmeldetag:
14.03.2005, Prioritätsdatum: 14.03.2005, Anmelder: IPK,
Offenlegung: 21.09.2006, IPK-Nr.: 2004/11.

Lectures, Posters and Abstracts

V2, V10, V11, V185, V224, V225, V226, V227, P67, P68, P136,
P137, P161, P212, P213, P214, P228.

Additional Funding

For further information see the survey page 185–186.

Research Group: Expression Mapping

Head: Dr. Lothar Altschmied

Scientists

IPK financed

Hähnel, Urs, Dr. (P)

Zierold, Annchristin (Annex)

Goals

Analysis of reproductive development in barley and *Arabidopsis* using EST sequencing, array technology and bioinformatics as well as various approaches for functional characterisation of genes.

Research Report

Previously we had identified by subtractive hybridisation and *in silico* selection 15 genes in our EST collection from wheat egg cells, which are most likely expressed in an egg cell-specific manner. In collaboration with the research groups Gene Regulation (H. Bäumlein, D. Koszegi) and Plant Reproductive Biology (J. Kumlehn, A. Varshney) we were able to demonstrate *via* single cell RT-PCR that all three presently tested genes are **specifically expressed in cells of the egg apparatus** of wheat. For one of these genes, belonging to a novel transcription factor family, we had to clone full-length cDNAs using 5'-RACE (D. Koszegi) on SMART-based cDNA (A. Zierold) from isolated egg cells (A. Varshney) for the identification of a potential transcription start site and the verification of the exon/intron structure by comparisons with a genomic fragment from barley. Construction of promoter/reporter gene fusions for all three genes is under way (U. Hähnel, D. Koszegi) to evaluate in transgenic barley, whether the observed expression patterns are determined by the presumed promoters in *Triticaceae*.

In addition to the existing ESTs from sexually developing egg cells we sequenced ESTs from parthenogenetic egg cells of the Salmon system after subtraction with leaf cDNA (L. Altschmied, A. Czihal/Gene Regulation, U. Hähnel, S. König/Transkriptome Analysis). More than **4,700 ESTs from parthenogenetic egg cells** indicate that the transcriptomes of sexual and parthenogenetic egg cells are very different. To verify this result, we generated several sets of high-density colony membranes with 50,000 randomly chosen cDNA clones of each library (U. Hähnel) and selected more than

20 cDNA clones for hybridisation (L. Altschmied).

In collaboration with the research groups Gene Regulation (H. Bäumlein, A. Czihal, J. Tiedemann, A. Vorwieger), Phyto-antibodies (U. Conrad, G. Mönke), Plant Data Warehouse (I. Große, M. Mohr), the group of Prof. B. Weisshaar (P. Viehöver, University Bielefeld), and groups in France and Spain we aim at the identification of target promoters for seed-expressed transcription factors (ARABIDO-SEED project, GABI-II). At the IPK we plan to use chromatin immunoprecipitation for that purpose. We produced a **macroarray (U. Hähnel) containing more 11,000 promoter fragments** from *Arabidopsis* in collaboration with the group in Bielefeld (P. Viehöver). Amplification and labelling procedures for fragmented *Arabidopsis* chromatin (U. Hähnel) from the immunoprecipitation reaction (G. Mönke) were established (see Fig. 27). Currently we are testing reproducibility of hybridisations with the promoter array (U. Hähnel, G. Mönke) and explore methods to identify transcription factor binding sites (L. Altschmied, I. Große, U. Hähnel, M. Mohr).

To generate a barley tissue panel, the required amplification procedure for mRNA and the **large scale production of cDNA (>20 µg)** has been adapted (A. Zierold). Spotting and hybridisation tests with cDNAs from a small number of tissue samples (A. Zierold) indicate the need for further technical improvement of the array. Currently, we test reproducibility of the amplification procedure using the 10k PGRC macroarray for barley and methods for standardisation of the cDNA concentration, e. g. by hybridisation with housekeeping genes (A. Zierold).

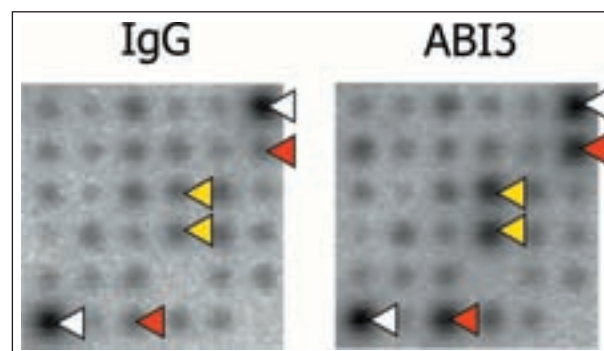


Fig. 27: Identical parts of two *Arabidopsis* promoter arrays hybridised with [³²P]-labelled chromatin from developing seeds, which had been precipitated either with ABI3 antibodies, to identify ABI3 target promoters, or with IgG as control. Markings in red and yellow identify duplicated spots of two *Arabidopsis* promoters selectively precipitated with ABI3 antibodies, while markings in white identify spots used for orientation (U. Hähnel, G. Mönke).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. Genebank, Research Group Plant Data Warehouse;
Dr. I. Große, M. Mohr;
Dept. Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group
Bioinformatics; Dr. U. Scholz, T. Rutkowski;
Dept. Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group
Transcriptome Analysis; Dr. P. Schweizer, Dr. A. Himmel-
bach, S. König;
Dept. Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation;
Dr. H. Bäumllein, A. Czihal, D. Koszegi, Dr. J. Tiedemann;
Dept. Molecular Genetics, Research Group Phytoantibodies;
Dr. U. Conrad, Dr. G. Mönke, M.-L. Trinh;
Dept. Molecular Cell Biology, Research Group Plant Repro-
ductive Biology; Dr. J. Kumlehn, Dr. A. Varshney;

Outside the Institute:

University Bielefeld, Institute for Genome Research,
Bielefeld; Prof. B. Weisshaar, Dr. P. Viehöver;
Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of
Computer Science, Halle/S.; Prof. S. Posch;
INRA, Laboratoire de Biologie des Semences, Versailles,
France; Dr. B. Dubreucq, Dr. C. Rochat, Dr. M. Miquel,
Dr. L. Lepiniec, Prof. M. Caboche;
ETSI Agronomos, Dept. of Biotecnologia, Madrid, Spain;
Dr. I. Diaz, Dr. V. Carbajosa;
University of Zurich, Institute of Plant Biology, Zurich,
Switzerland; Prof. U. Grossniklaus, A.J. Johnston;
State University Moldova, Kishinev, Moldova;
Prof. A.D. Shutov.

Publications

Peer Reviewed Papers

TRUJILLO, M., L. ALTSCHMIED, P. SCHWEIZER, K.H. KOGEL & R.
HUCKELHOVEN: Respiratory burst oxidase homologue A
of barley contributes to penetration by the powdery
mildew fungus *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. *J. Exp.*
Bot. 57 (2006) 3781–3791.
VARSHNEY, R.K., I. GROSSE, U. HÄHNEL, R. SIEFKEN, M. PRASAD,
N. STEIN, P. LANGRIDGE, L. ALTSCHMIED & A. GRANER:
Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived
SSR markers shows non-uniform distribution of genes
in the barley genome. *Theor. Appl. Genet.* 113 (2006)
239–250.

Additional Publications of 2005

VARSHNEY, R.K., U. HÄHNEL, T. THIEL, N. STEIN, L. ALTSCHMIED,
P. LANGRIDGE & A. GRANER: Genetic and physical map-
ping of genic microsatellites in barley (*Hordeum*
vulgare L.). *Czech J. Genet. Plant Breed.* 41 (2005)
153–159.

Lectures, Posters and Abstracts

V27, V90, V91, P50, P51, P52, P53, P61, P62, P85, P86, P125,
P205, P206, P226, P227.

Additional Funding

For further information see the survey page 186.

Research Group: Gene and Genome Mapping

Head: Dr. Marion Röder

Scientists

IPK financed

Hanemann, Anja (P, Annex)

Grant Positions

Matthies, Inge, Dr. (BMBF)

Pietsch, Christof, Dr. (BMBF)

Visiting Scientists

De Leon Alvarez, José Luis, Dr. (CONACYT,
01.08.–21.08.2006)

Khlestkina, Elena, Dr. (scholarship INTAS,
03.06.–26.08.2006)

Kumar, Uttam, Dr. (scholarship Leibniz-DAAD,
since 06.06.2006)

Leonova, Irina, Dr. (BMELV, 24.11.–24.12.2006)

Malysheva-Otto, Ludmilla, Dr. (self-financed,
01.01.–31.08.2006)

Salina, Elena, Dr. (BMELV, 24.11.–10.12.2006)

Xia, Lanqin, Dr. (DAAD, 17.08.–06.10.2006)

Scholars

Elangovan, Mani (scholarship DAAD/IAESTE, till 28.02.2006)

Hysing, Shu-Chin (scholarship Sweden,
20.03.–26.05.2006)

Kerfal, Samir (FPI-Fellowship, 01.08.–31.10.2006)

Marone, Daniela (EMBO-Fellowship, 13.02.–15.03.2006)

Ristau, Verena (BBA, 18.12.–22.12.2006)

Woubit, Dawit Bedane (BBA, 18.12.–22.12.2006)

Youssef, Helmy (InWEnt, 31.07.–25.08.2006)

Goals

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

Research Report

Two projects focus on the barley-grain: GABI-SEED II on the developing barley grain and GABI-malt on the germinating barley grain and its impact on malting.

The project GABI-SEED II investigates the **regulatory networks in the developing barley seed** and is conducted in close collaboration with the Research Group Gene Expression (U. Wobus and W. Weschke) and several other groups within the IPK. In a 'genetical genomics' approach expression data and metabolomic data are treated as quantitative traits and the underlying genetic loci are detected as e(xpression)-QTLs. The whole project is based on 42 BC3-DH introgression lines originating from the cross of the spring barley cultivar 'Brenda' and the *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* accession 'HS213'. Gene expression profiles were sampled at four different developmental stages (4, 8, 16, 24 days after flowering, DAF) based on the 12 k array in collaboration with the Group Gene Expression. The QTL analysis of approximately 47,000 expression profiles yielded 1,373 eQTL representing 1,264 ESTs surpassing a $p \leq 0.05$ genome wide threshold derived by 1,000 permutations. The recovery of QTL signals in independent experiments depends on the heritability of the gene-expression profile and the magnitude of the allelic effects. Replicated eQTL with considerable effects on gene-expression are of special interest in plant breeding, since they represent a selection of eQTL showing high heritability under controlled experimental conditions and may be also stably expressed under field conditions. Therefore we conducted eQTL analyses of two aligned datasets of 22 introgression lines of independently grown plant material. The comparative analysis revealed a total of 2,720 eQTLs corresponding to 2,376 ESTs with a LOD cut-off of 3 in at least one experiment. A set of 698 eQTL in common between both experiments corresponding to 622 ESTs will be subjected to further validation experiments. Currently the mode of action (cis or trans) is determined by mapping of the eQTL-forming ESTs using pyrosequencing (C. Pietsch).

In the project GABI-malt the germinating barley grain within the malting process is investigated through several approaches. Our focus is the analysis of **haplotypes of candidate genes for malting** and their association to phenotypic malting parameters. For this purpose candidate genes from two sources were chosen. Genes coding for enzymes known to be related to the malting process and starch-degradation were included, and ESTs, which were determined to be specifically expressed in malting cultivars, were provided by A. Graner (Group Genome Diversity). The assessment of haplotype structure of all selected candidate genes was performed in several steps. By sequence analysis, PCR-products of 444 primer combinations corresponding to 62 candidate genes were screened on 8 highly diverse reference genotypes. Of all screened primer combinations, 240 primer combinations (54.2 %) amplified single-copy-fragments and were subsequently tested on 64 barley cultivars, which were selected by Bavarian State Research Centre for Agriculture (LfL) Freising. Out of those, 30 % of all sequenced fragments possessed SNP- and 12.35 % INDEL-polymorphisms. After analysis of the gene structure, those SNPs showing a high level of polymorphism in 64 cultivars and leading to amino-acid exchanges were preferentially

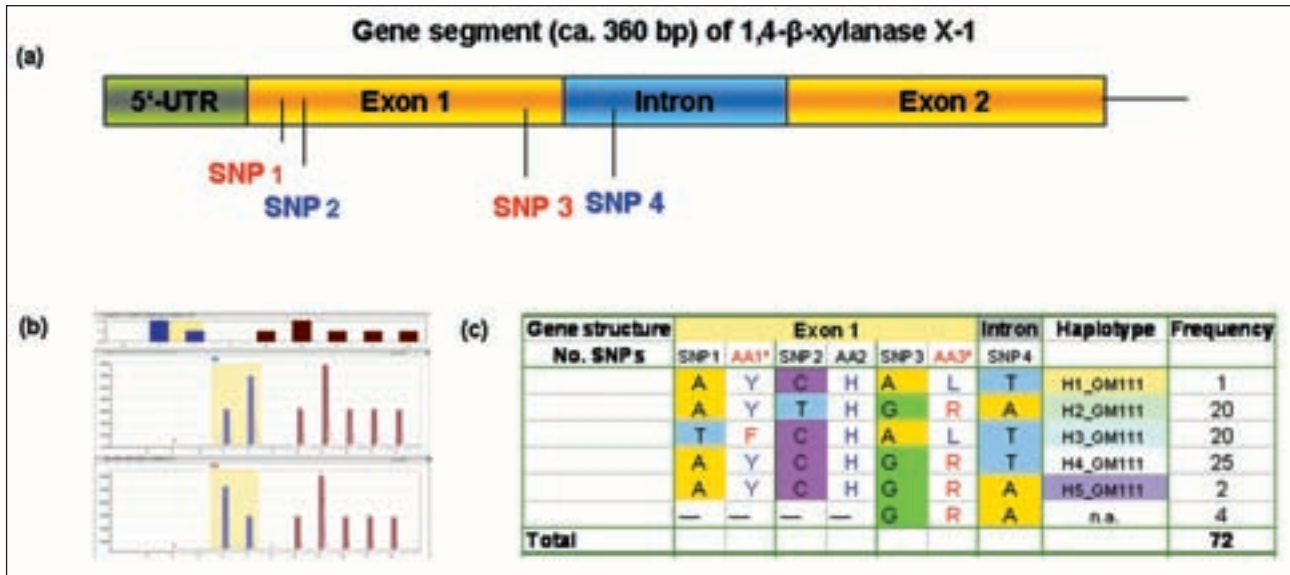


Fig. 28: (a) Partial gene structure of (1 \rightarrow 4)- β -Xylan Endohydrolase Isoenzyme I. Non-synonymous SNPs which are responsible for amino acid (AA) changes are labelled red and marked with * in (c), (b) Pyrograms of SNP3 in a fragment of 1,4- β -xylanase X-1, derived by PCR with primer-combination GM111, (c) Detected SNPs and haplotype pattern in a 350 bp-fragment of this 1,4- β -xylanase X-1 gene, amplified with primer-combination GM111 in a set of 8 reference and 64 barley cultivars (I. Matthies).

used for development of suitable pyrosequencing assays in order to perform high-throughput-genotyping in a larger set of genotypes.

By combining genotypic and phenotypic information, it is possible to perform **association studies** and to determine significant relationships between single SNPs or haplotypes and certain malting properties. As example 1,4- β -xylanase (EC 3.2.18), which hydrolyzes cell wall arabinoxylans, is outlined here. The analysis of a gene fragment coding for 1,4- β -xylanase X-1, tested on 72 cultivars resulted in 5 haplotypes based on 4 SNPs.

These were correlated with 13 different traits, derived from micromalting experiments by LfL in Freising and significant associations could be found for the parameters viscosity and friability for haplotype H4_GM111 at $p < 0.05$ (I. Matthies, see Fig. 28).

For further association studies, data of 120 malting and brewing parameters of 250 barley cultivars were collected either from public sources such as 'Bundessortenamt', 'Lan dessortenversuche' and 'Braugerstenjäh rbücher' of the past 20 years or delivered by LfL Freising from actual field and micromalting experiments of 64 cultivars in Freising 2004 and 2005. All data are handled in a **database called "Meta-Brew"** which is developed in collaboration with the Bioinformatics group at IPK (S. Weise, U. Scholz). Up to now, approximately 80 000 datapoints are available (I. Matthies).

The **map-based cloning of the gene *Rrs2*** (formerly *Rh2*) conferring resistance to the fungal pathogen *Rhynchosporium secalis*, which causes scald in barley, was continued. A total of 23 new lines of recombinant plants resulting from the screening of the increased mapping population of 4458 F₂-plants could be confirmed and were advanced to the F₄-generation and phenotyped. The new recombinant lines

were used for fine mapping of novel developed SNP-markers located in the close vicinity of the *Rrs2* gene. Furthermore, two new BAC clones extending one of the two contigs flanking the resistance gene were identified, partially sequenced and mapped. An additional BAC clone is still under investigation (A. Hanemann).

The development of mapping populations for further genetic dissection of QTLs detected in advanced backcross populations of spring barley and winter wheat was continued. Three mapping populations derived of winter wheat introgression lines were tested for segregation of grain weight in the field. By using defined introgression lines, it was possible to locate a **novel gene for grain weight** on wheat chromosome 7D. The lines carrying a specific introgression of the synthetic wheat M6, genetically mapped in the centromeric region of chromosome 7D, in the background of the German winter wheat variety 'Prinz' had a 10 % higher grain weight than lines without introgression. The phenotype of larger grain size was correlated with plant height and spike compactness (M. Röder).

The mapping of genes for resistance to the fungal pathogen *Bipolaris sorokiniana* causing spot blotch in wheat was initiated. Currently polymorphic markers are genotyped on a recombinant inbred mapping population derived from the cross 'Yangmai6' \times 'Sonalika' segregating for **resistance to spot blotch**. So far four preliminary genomic regions with significant QTLs for spot blotch resistance were identified (U. Kumar).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Molecular Markers;
Prof. A. Graner;
Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and
Reproduction; Dr. A. Börner;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Ex-
pression; Prof. U. Wobus, Dr. W. Weschke;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group
Bioinformatics; Dr. U. Scholz, S. Weise.

Outside the Institute:

TraitGenetics GmbH, Gatersleben; Dr. M. Ganal;
Bavarian State Research Centre for Agriculture (LfL), Freising;
Dr. G. Schweizer;
Haifa University, Institute of Evolution, Israel; Dr. T. Fahima,
Prof. E. Nevo;
Institute of Cytology and Genetics (ICG), Novosibirsk, Russia;
Dr. E. Salina;
Universidad Autonoma de Baja California Sur, La Paz,
Mexico; Dr. J. de León.

Publications

Peer Reviewed Papers

- DOBROVOLSKAYA, O., V.S. ARBUZOVA, U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Microsatellite mapping of complementary genes for purple grain colour in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 150 (2006) 355–364.
- KHLESTKINA, E.K., T.A. PSHENICHNIKOVA, M.S. RÖDER, E.A. SALINA, V.S. ARBUZOVA & A. BÖRNER: Comparative mapping of genes for glume colouration and pubescence in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 113 (2006) 801–807.
- KHLESTKINA, E.K., M.S. RÖDER, H. GRAUSGRUBER & A. BÖRNER: A DNA fingerprinting-based taxonomic allocation of Kamut wheat. *Plant Genet. Resour.* 4 (2006) 172–180.
- KHLESTKINA, E.K., R.K. VARSHNEY, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: A comparative assessment of genetic diversity in cultivated barley collected in different decades of the last century in Austria, Albania and India by using genomic and genic simple sequence repeat (SSR) markers. *Plant Genet. Resour.* 4 (2006) 125–133.
- LI, J.Z., X.Q. HUANG, F. HEINRICHS, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Analysis of QTLs for yield components, agronomic traits, and disease resistance in an advanced backcross population of spring barley. *Genome* 49 (2006) 454–466.
- MALYSHEVA-OTTO, L., M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Analysis of molecular diversity, population structure and linkage disequilibrium in a worldwide survey of cultivated barley germplasm (*Hordeum vulgare* L.). *BMC Genetics* 7 (2006) 6.
- MALYSHEVA-OTTO, L. & M. RÖDER: Haplotype diversity in the endosperm specific β -amylase gene *Bmy1* of cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.). *Mol. Breed.* 18 (2006) 143–156.
- PESTSOVA, E.G., A. BÖRNER & M.S. RÖDER: Development and QTL assessment of *Triticum aestivum*-*Aegilops tauschii* introgression lines. *Theor. Appl. Genet.* 112 (2006) 634–647.
- POTOKINA, E., M. PRASAD, L. MALYSHEVA, M.S. RÖDER & A. GRANER: Expression genetics and haplotype analysis reveal cis regulation of serine carboxypeptidase I (Cxp1), a candidate gene for malting quality in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Funct. Integr. Genomics* 6 (2006) 25–35.
- PSHENISHNIKOVA, T.A., M.F. ERMOKOVA, A.K. CHISTIYAKOVA, L.V. SHCHUKINA, A. BÖRNER & M.S. RÖDER: Molecular mapping of loci associated with quality of bread wheat grain. *Agric. Biol.* 5 (2006) 41–47.
- RÖDER, M.S., C. KAISER & W. WESCHKE: Molecular mapping of the shrunken endosperm genes *seg8* and *sex1* in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Genome* 49 (2006) 1209–1214.
- SALINA, E.A., I.N. LEONOVA, T.T. EFREMOVA & M.S. RÖDER: Wheat genome structure: translocations during the course of polyploidization. *Funct. Integr. Genomics* 6 (2006) 71–80.
- SILKOVA, O.G., O.B. DOBROVOLSKAYA, N.I. DUBOVETS, I.G. ADONINA, L.A. KRAVTSOVA, M.S. RÖDER, E.A. SALINA, A.I. SHCHAPOVA & V.K. SHUMNY: Production of wheat-rye substitution lines and identification of chromosome composition of karyotypes using C-banding, GISH, and SSR markers. *Russ. J. Genet.* 42 (2006) 645–653.
- TEKLU, Y., K. HAMMER, X.Q. HUANG & M.S. RÖDER: Analysis of microsatellite diversity in Ethiopian tetraploid wheat landraces. *Genet. Resour. Crop Evol.* 53 (2006) 1115–1126.
- YIFRU, T. [Y. TEKLU], K. HAMMER, X.Q. HUANG & M.S. RÖDER: Regional patterns of microsatellite diversity in Ethiopian tetraploid wheat accessions. *Plant Breed.* 125 (2006) 125–130.

Other Publications

- BÁLINT, A.F., M.S. RÖDER, R. HELL, G. GALIBA, J. SUTKA & A. BÖRNER: Cereals with better heavy metal tolerance and nutritional value: physical and genetic mapping of copper tolerance and shoot micronutrient content in wheat. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 55–58.
- BÖRNER, A., O. DOBROVOLSKAYA, E.K. KHLESTKINA, U. LOHWASSER, S. NAVAKODE, M.S. ROEDER, V. SCHUBERT, A. WEIDNER & K. ZAYNALI NEZHAD: Items from Germany, Institut für Pflanzen-genetik und Kulturpflanzenforschung (IPK). *Annu. Wheat Newsl.* 52 (2006) 24–27.
- BÖRNER, A., O.B. DOBROVOLSKAYA, U. SALEH, L. MALYSHEVA-OTTO & M.S. RÖDER: Wege zum markergestützten Sortimentsmanagement. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 39–46.
- BÖRNER, A., V. KORZUN, E.K. KHLESTKINA, O.B. DOBROVOLSKAYA, T.A. PSHENICHNIKOVA, A.M. CASTRO & M.S. RÖDER: Genetic stocks in the 21st century – waste or important tool? In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the

13th international EWAC conference, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 17–22.

CHEBOTAR, S.V., P. SOURDILLE, M. BERNARD, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Analysis of Ukrainian wheat varieties by using diagnostic marker for *Yrns-B1*. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 46–51.

KHLESTKINA, E.K., X. HUANG, R.K. VARSHNEY, S. CHEBOTAR, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: Comparative studies of genetic diversity in wheat and barley germplasm collected at different time periods. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June - 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 94–97.

KHLESTKINA, E.K., M.S. RÖDER, O. UNGER, A. MEINEL & A. BÖRNER: Non specific adult plant disease resistance against stripe rust (*Puccinia striiformis*) – fine mapping and origin of *Yrns-B1*. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 129–133.

LOHWASSER, U., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Influence of environmental conditions on detecting QTLs for the traits pre-harvest sprouting and dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.). In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC conference, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 102–104.

NAVAKODE, S., A. WEIDNER, U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Analyzing wheat / *Aegilops tauschii* Coss. introgression lines for aluminium tolerance. Vortr. Pflanzenzücht. 70 (2006) 107–109.

PSHENICHNIKOVA, T.A., A. BÖRNER, O.B. DOBROVOLSKAYA, E.K. KHLESTKINA, M. RÖDER & M.F. ERMAKOVA: The use of precise genetic stocks for gene mapping: results obtained within EWAC. In: BÖRNER, A., K. PÁNKOVÁ & J.W. SNAPE (Eds.): European Wheat Aneuploid Co-operative Newsletter 2006 (Proceedings of the 13th international EWAC confe-

rence, 27 June – 1 July 2005 Research Institute of Crop Production Prague, Czech Republic). IPK Gatersleben – Research Institute of Crop Production Prague – The John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich/UK (2006) 13–17.

RÖDER, M., E. POTOKINA, L. MALYSHEVA-OTTO, I. MATTHIES & A. GRANER: Der steinige molekulare Weg zu besserem Malz. Vortr. Pflanzenzücht. 69 (2006) 83–85.

ZAYNALI NEZHAD, K., U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Primary results from studies of post anthesis drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). Vortr. Pflanzenzücht. 70 (2006) 90–92.

Electronic Publications

MALYSHEVA-OTTO, L. & M.S. RÖDER: Haplotype diversity in the endosperm specific β -amylase gene *Bmy1* of cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.). <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/haplotypes> (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V95, V158, V192, V193, P63, P64, P81, P105, P107, P108, P109, P110, P111, P114, P115, P116, P117, P118, P119, P128, P129, P141, P144, P145, P146, P183, P185, P201, P217, P223, P224.

Additional Funding

For further information see the survey page 186.

Research Group: Bioinformatics

Head: Dr. Uwe Scholz

Scientists

IPK financed

Lange, Matthias, Dr. (Annex)

Grant Positions

Stephanik, Andreas (BMBF)

Steuernagel, Burkhard (BMBF)

Weise, Stephan (BMBF)

Visiting Scientists

Chen, Ming, Prof. (DAAD, 01.07.–31.07.2006)

Goals

Research activities and support of IPK biologists as to the development and maintenance of molecular biological databases, data integration, implementation of bioinformatic tools for various in-silico analyses and bioinformatics consulting.

Research Report

High throughput approaches, such as cDNA arraying, EST sequencing and proteomic techniques, generate large amounts of data. An integration of these data into the body of biological knowledge is required to discover the functional importance of the experimental data. This background motivates current research activities as to the development of database integration systems, such as the **BioDataServer**, an open source implementation of a database mediator system. Data warehouses have been built based on the BioDataServer and on additional commercial technology, the SRS system, and are maintained by the group. Data integrated in data warehouses facilitate several applications, e. g. in-silico gene expression analysis, extraction of gene annotation from literature and the development of a method for an efficient computation and analysis of data linkage graphs. First applications are a high throughput functional classification of IPK-derived ESTs towards an automated pipeline for the provisioning of controlled annotation of plant gene arrays and chips (M. Lange).

In another line of research, the group prepared the integration of IPK data and software resources into international bioinformatics infrastructures. This is realised by a number

of **SOAP-WebServices**, which were developed within a Diploma Thesis (K. Spies) and serve as template for further integration into international infrastructures.

During recent years, more and more attempts are being made to understand biological subjects on a systems level. Major resources for these approaches are biological databases, a variety of which has been designed to store diverse information. The use of these databases is often hampered by the fact that they are designed for special application areas and thus lack universality. Furthermore, plant research is often neglected. To circumvent these problems we have designed Meta-All (<http://www.bic-gh.de/meta-all/>), an information system software that allows to store and access information about metabolic pathways, including reaction kinetics, detailed locations, environmental circumstances and taxonomic information. Additionally, data can be stored together with quality tags and in different parallel versions. A user interface has been developed using the Oracle Application Express technology. Both user interface and database schema have been bundled and are provided as open source software. Meta-All supports the export of fine-grained data using the SBML standard. The Meta-All project is a cooperation of S. Weise with the research groups Network Analysis, Plant Data Warehouse and Bioinformatics (see Fig. 29, p. 87).

Malting quality is one of the most important traits in barley. Phenotypic data regarding approximately 120 malting and brewing parameters of 250 barley cultivars, which are also characterised by molecular markers, were collected at different locations in Germany during the last 20 years and stored in publicly available sources such as statistical year books of the German Brewing Society (BGJB). In order to support association studies, in cooperation with the Gene and Genome Mapping group we developed an operative system, **MetaBrew**, for managing this data using Oracle Application Express technology. Up to now, approx. 80,000 data points have been imported into MetaBrew which is currently extended by adding more data of micromalting experiments from breeder strains and other available sources (S. Weise).

In the scope of a Diploma Thesis (T. Tischler) and in cooperation with the Plant Data Warehouse research group we developed a Cluster Execution Framework (CEF) in order to integrate command line tools (such as NCBI BLAST), which are executed on IPK's computer cluster BROCKEN. CEF enables a programmatic access to command line tools by Web Services and provides a graphical user interface, which eases the usage of those command line tools. Further on, we established the DataCart system in order to be able to interconnect several information systems of the IPK and BIC-GH (A. Stephanik).

A data warehouse for gene expression of plants, **BATEX**, is currently being developed. The framework supports import and analysis of data from various array platforms (e.g. IPK

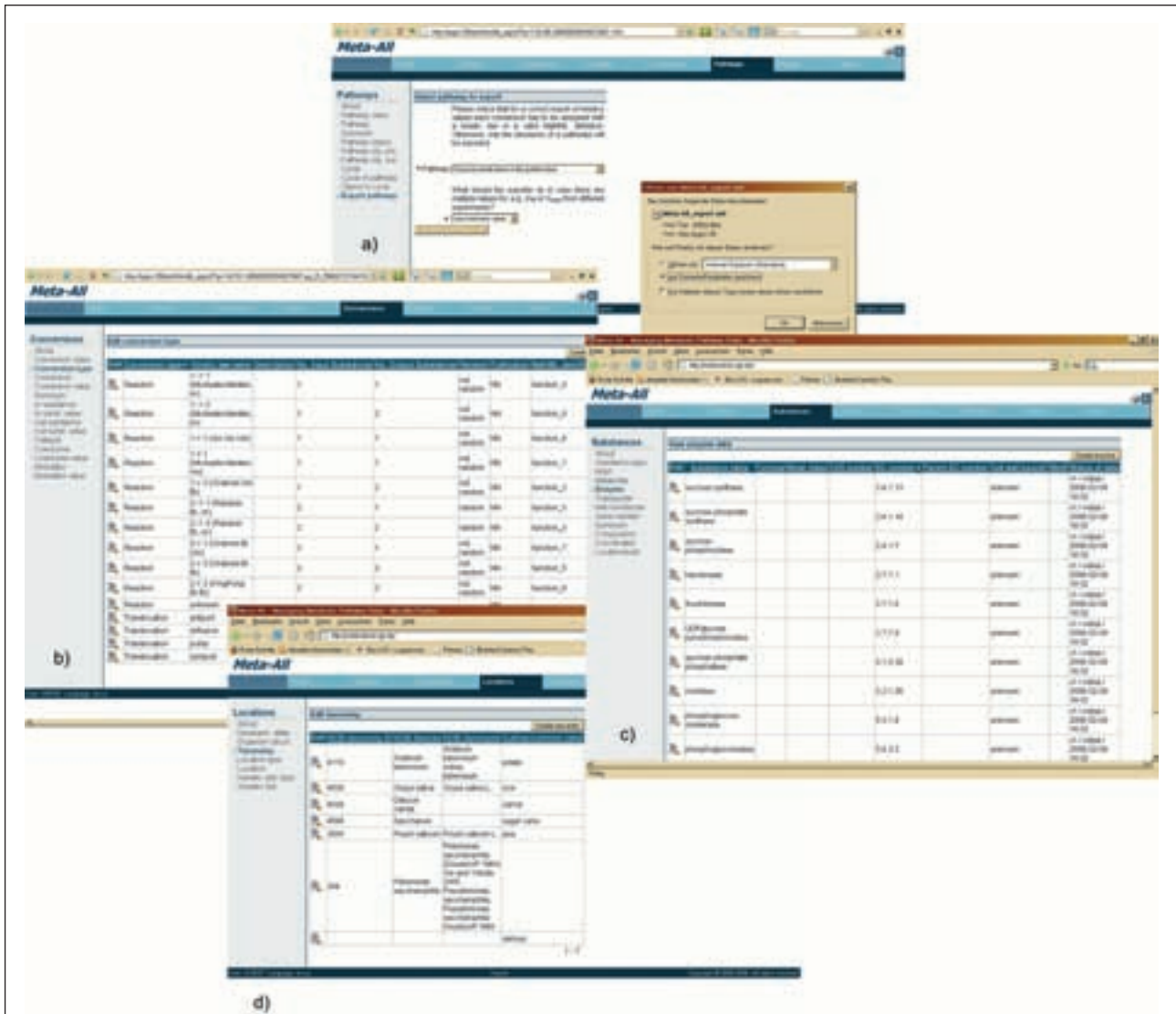


Fig. 29: Meta-All: This figure shows a collage of screenshots of the Meta-All user interface. a) shows the export of a selected pathway into an SBML file and b) is a report of kinetic laws available in Meta-All to enrich conversion processes. c) is a simple report listing enzymes, which have been entered into the system and d) is showing taxonomy information of the organisms stored in the demo instance of Meta-All (S. Weise).

macroarrays, Affymetrix, cDNA chips) and from different organisms. Currently, the gene expression data sources Barley-Base, ATGenExpress, selected experiments from SGED and published experiments from FLAREX are imported (A. Stephanik, B. Steuernagel).

The trilateral GABI project **GENOSOME** studies molecular processes during meristem development in Solanaceae. Within this project the bioinformatics group provides storage and analysis of EST and gene expression data including a comparative data analysis (B. Steuernagel).

A new information system and a central storage procedure for the IPK Sequence Database (http://pgrc-35.ipk-gatersleben.de/pls/htmldb_pgrc/f?p=111) including Web interfaces for downloading the trace files were established for internal use (M. Lange, B. Steuernagel).

The **FLAREX** information system (<http://pgrc.ipk-gatersleben.de/flarex/>) was developed for in house and international standardised management of gene expression data. The system supports the generation of supplementary material to publications, data normalisation and quality checks towards the generation of experimental data reports for later processing in individual analysis environments. Both systems realise a long-term archival storage of IPK primary data, which meets e.g. the DFG recommendations, via graphical user interfaces combined with automated data import software and the strict guarantee of data privacy (M. Lange).

Finally, the Bioinformatics research group supported the organisation of the "1st International GABI-TILL Workshop" (<http://meetings.ipk-gatersleben.de/gabi2006/>) and the international workshop "Data Warehouse Technologies in Bioinformatics" (<http://www.bic-gh.de/dwtb2006/>).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity;
Prof. A. Graner, Dr. N. Stein, Dr. T. Sretenovic Rajicic;
Dept. of Genebank, Research Group Genebank Documenta-
tion; Dr. H. Knüpfper, M. Oppermann;
Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse;
Dr. I. Große, C. Künne, T. Thiel;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group
Pattern Recognition; Dr. U. Seiffert;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group
Transcriptome Analysis; Dr. P. Schweizer;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group
Expression Mapping; Dr. L. Altschmied;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Ex-
pression; Prof. U. Wobus, Dr. R. Radchuk,
Dr. N. Sreenivasulu, Dr. V. Radchuk;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Network
Analysis; Dr. F. Schreiber, C. Klukas, D. Koschützki;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied
Biochemistry; Dr. H.-P. Mock.

Outside the Institute:

Otto-von-Guericke-University, ITI, Magdeburg; Prof. G. Paul;
Technical University Cottbus, Practical Informatics/Graphical
Systems; Prof. W. Kurth;
University of Bielefeld, Research Group Bioinformatics/
Medical Informatics; Prof. R. Hofestädt;
Zhejiang University, China; Prof. M. Chen;
INRA de Versailles, Research Group Laboratoire de Biologie
Cellulaire, Versailles, France; Dr. J. Traas, Dr. P. Laufs;
Universidad Autonoma de Madrid Cantoblanco, Centro
Nacional de Biotecnología CSIC, Madrid, Spain; Dr. S. Prat;
Rothamsted Research, Biomathematics and Bioinformatics
Division, Harpenden, UK; Dr. J. Köhler.

Publications

Peer Reviewed Papers

EICHMANN, R., S. BIEMELT, P. SCHÄFER, U. SCHOLZ, C. JANSEN, A. FELK,
W. SCHÄFER, G. LANGEN, U. SONNEWALD, K.-H. KOGEL & R.
HÜCKELHOVEN: Macroarray expression analysis of barley
susceptibility and nonhost resistance to *Blumeria*
graminis. *J. Plant Physiol.* 163 (2006) 657–670.
WEISE, S., I. GROSSE, C. KLUKAS, D. KOSCHÜTZKI, U. SCHOLZ,
F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Meta-All: a system for managing
metabolic pathway information. *BMC Bioinformatics* 7
(2006) 465.

Other Publications

FUNKE, T., S. WEISE, H. KNÜPFPER & I. GROSSE: Ein neues Gesicht
für die Europäische Gerstendatenbank (EBDB). *Vortr.*
Pflanzenzücht. 70 (2006) 79–80.
GROSSE, I., T. FUNKE, C. KÜNNE, S. NEUMANN, A. STEPHANIK, T. THIEL
& S. WEISE: Integrative Datenanalyse mit dem Plant Data
Warehouse. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 50–53.

STEPHANIK, A., H. BACHMANN, T. FUNKE, C. KÜNNE, E. LANGER,
T. THIEL, S. WEISE & I. GROSSE: Das Plant Bioinformatics Por-
tal. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 81–83.
WEISE, S., H. KNÜPFPER, J. VORWALD, U. SCHOLZ & I. GROSSE: Inte-
gration von phänotypischen Daten in das Plant Data
Warehouse. *Vortr. Pflanzenzücht.* 70 (2006) 84–86.

PhD and Diploma Thesis

LANGE, M.: Methoden zum homogenen Zugriff und zur Inte-
gration heterogener, biologischer Datenquellen mittels
beschränkter Zugriffsmuster. (PhD Thesis) Otto-von-
Guericke-Universität Magdeburg, Fakultät für Informatik
(2006).
KAULE, U.: Analyse und Strukturierung von Workflows im
Anwendungsfeld bioinformatischer Prozesse. (Diploma
Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Fakul-
tät für Informatik, Institut für Technische und Betriebliche
Informationssysteme (2006).
RIEDEL, A.: Konzept zur Daten- und Anwendungsintegration
zur Analyse von Gen-Expressionsdaten. (Diploma Thesis)
Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Fakultät für
Informatik, Institut für Technische und Betriebliche Infor-
mationssysteme (2006).
SPIES, K.: Integration von Bioinformatikdatenbanken und
-anwendungen des IPK Gatersleben mittels Web-Services
in die internationale Bioinformatik-Infrastruktur. (Diplo-
ma Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg,
Institut für Informatik (2006).
TISCHLER, T.: Entwurf und Implementierung einer Integrations-
lösung für Anwendungen in der Bioinformatik. (Diploma
Thesis) Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, Fakul-
tät für Informatik, Institut für Technische und Betriebliche
Informationssysteme (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V203, V204, V205, V255, V256, P8, P44, P89, P91, P98, P99,
P100, P116, P142, P186, P188, P189, P216, P217, P223.

Additional Funding

For further information see the survey page 186–187, 192.

Abteilung Molekulare Genetik/ Department of Molecular Genetics

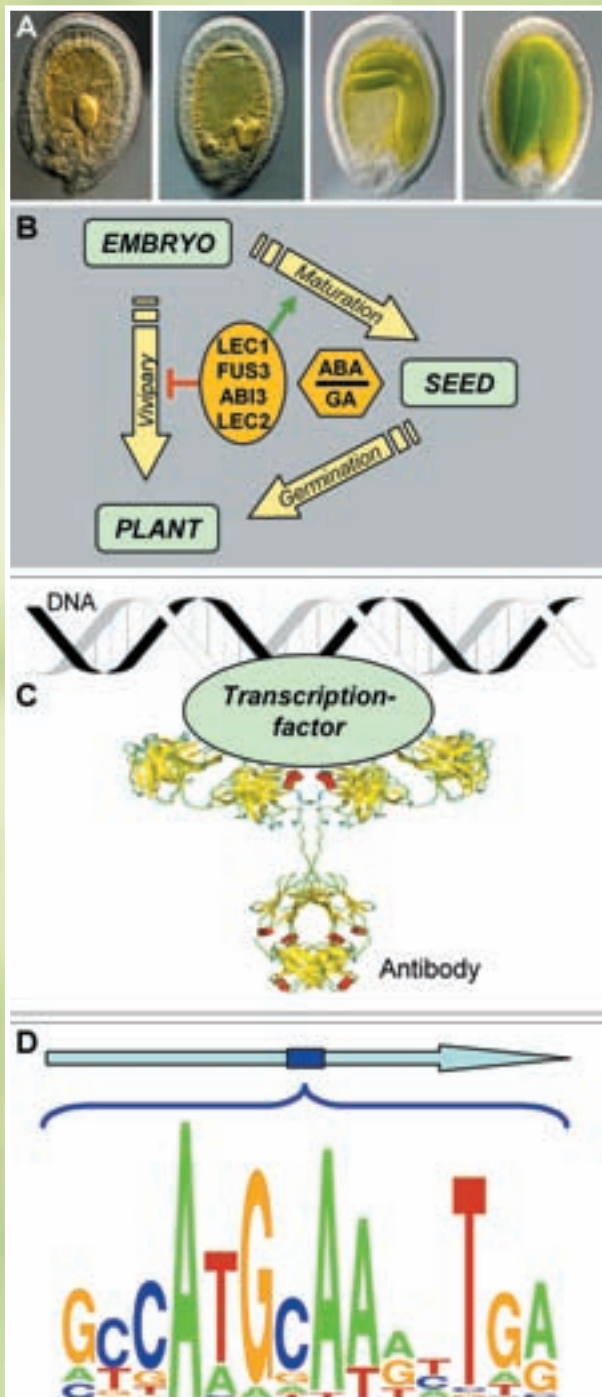


Fig. 30: Analyse regulatorischer Netzwerke während der Embryogenese und Samenreifung der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*. (A) Embryoentwicklung via Globulus-, Herz- und Torpedostadium zum nahezu reifen Samen, dargestellt durch Nomarski-Optik an transparenten Samen. (B) Zentrale Regulatoren von Entwicklungsprozessen während Samenreifung und Keimung sind die Transkriptionsfaktoren LEC1, FUS3, ABI3, LEC2 sowie das Konzentrationsverhältnis der beiden Phytohormone Abscisinsäure (ABA) und Gibberellinsäure (GA). (C) Das Prinzip der Chromatin-Immünpräzipitations-Technik ist die Erkennung und Präzipitation eines DNA-gebundenen Transkriptionsfaktors durch spezifische Antikörper. (D) Darstellung des identifizierten RY-cis-Motivs als Sequenzlogo. Die Buchstabengröße repräsentiert die Konservierung des jeweiligen Nucleotids (ARABIDO-SEED-Consortium).

Unraveling regulatory networks controlling embryogenesis and seed maturation of the model plant *Arabidopsis thaliana*. (A) Embryo development via globular, heart and torpedo stage to the nearly mature seed as visualised by Nomarski optics of cleared seeds. (B) Key regulators of developmental processes involved in seed maturation and germination include the transcription factors LEC1, FUS3, ABI3, LEC2 as well as the ratio of the two phytohormones abscisic acid (ABA) and gibberellic acids (GA). (C) The principle of the chromatin-immunoprecipitation technique includes the recognition and precipitation of the DNA-bound transcription factor by specific antibodies. (D) Representation of the identified RY-cis-motif as sequence logo. Letter size represents nucleotide conservation (ARABIDO-SEED-Consortium).

Abteilung Molekulare Genetik

Leiter: Prof. Dr. Ulrich Wobus

Forschungsschwerpunkt der Abteilung Molekulare Genetik im Berichtsjahr war unverändert die molekulare Biologie und Physiologie von Embryogenese und Samenentwicklung. Insgesamt standen 2006 Arbeiten zu folgenden Themen im Vordergrund:

- Genexpressionsmuster in Entwicklungsprozessen, vornehmlich im Samen,
- Rolle und Wirkmechanismen von Transkriptionsfaktoren, spezifischen Proteinen und Hormonen,
- Molekularphysiologie der Samenentwicklung unter besonderer Berücksichtigung der Speicherstoffsynthesen,
- Asexuelle Formen der pflanzlichen Reproduktion (Apomixis und verwandte Prozesse),
- Umsetzung von Grundlagenerkenntnissen in angewandten Projekten: 'Molecular Farming' in 'sink'-Organen und die Verbesserung agronomischer Merkmale,
- Analyse und Visualisierung biologischer Netzwerke und zugehöriger Daten sowie Modellierung und Simulation von Prozessen.

Als Untersuchungsobjekte dominierten Getreide (Gerste, Weizen), Körnerleguminosen (*Vicia*-Bohnen, Erbse) und *Arabidopsis*. Bei der Bearbeitung spezifischer Fragestellungen wurden weitere Arten wie Tabak (*Nicotiana spec.*) und *Hypericum* einbezogen. Neben der samenbezogenen Forschung wurden mehrere Projekte bearbeitet, die entweder spezifische Methodenentwicklungen zur Lösung verwandter Probleme ausnutzen oder anwendungsorientierte Zielstellungen verfolgen.

Zentrales Ziel der Forschung ist die Erarbeitung einer umfassenden Kenntnis der Entwicklungsprozesse und Funktionszusammenhänge während der generativen Phase der Entwicklung der untersuchten Pflanzen, eine 'Integrative Biologie der pflanzlichen Samenentwicklung'.

Entwicklung im Berichtsjahr

Im Berichtsjahr wurden im Zusammenhang mit der Neustrukturierung der Abteilung Cytogenetik die zwei im Genomzentrum angesiedelten Arbeitsgruppen Expressionskartierung (Leiter Dr. habil. Lothar Altschmied) und Bioinformatik (Leiter Dr. Uwe Scholz) der Abteilung Molekulare Genetik dem Bereich Genomanalyse der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse zugeordnet (s. auch S. 56). Die gewachsene Zusammenarbeit zwischen den Arbeitsgruppen bleibt von diesen Maßnahmen unberührt.

Department of Molecular Genetics

Head: Prof. Ulrich Wobus

The major focus of research in the Department remains the molecular biology and physiology of plant embryogenesis and seed development. Current research is focused on the following topics:

- Global expression patterns underlying developmental processes, especially in seeds;
- The role and functional mechanisms of transcription factors, specific proteins and hormones;
- The molecular physiology of seed development, with a focus on storage product synthesis;
- Asexual modes of plant reproduction (apomixis and related processes);
- The transfer of basic knowledge into applied projects, particularly 'molecular pharming' in sink organs, and the improvement of agronomic traits;
- The analysis and visualisation of biological networks, together with the modelling and simulation of biological processes.

The topics above were investigated in various model and crop plants: cereals (barley, wheat), grain legumes (field bean, pea) and *Arabidopsis thaliana*. In certain projects, tobacco (*Nicotiana spp.*) and *Hypericum* were also used. Apart from the major focus on seeds, some projects have been pursued to apply particular technologies to solve especially interesting questions, or to tackle application-oriented problems.

The central goal of the Department's efforts is to develop a comprehensive understanding of relevant developmental processes and their functional relationships during generative development. Overall the theme is summarised by the title 'Integrative Biology of Seed Development'.

Developments during 2006

Two Research Groups (Expression Mapping, headed by Dr. Lothar Altschmied and Bioinformatics, headed by Dr. Uwe Scholz) left the Department to join the newly established Genome Analysis program within the Department of Cytogenetics and Genome Analysis (see also p. 56). This rearrangement not hinder the intensive collaboration between the various research groups.

Key aspects of the department's research activity are summarised briefly below, and further details can be found in the individual group reports.

Im Folgenden werden wie im Vorjahr eine Reihe von im Berichtsjahr erzielten Forschungsergebnissen kurz dargestellt, gegliedert nach den eingangs erwähnten Arbeitsthemen. Einzelheiten und Publikationshinweise finden sich in den Berichten der Arbeitsgruppen.

(1) Genexpressionsmuster in Entwicklungsprozessen.

mRNA-profiling mit Hilfe der Array-Technologie wird weitgehend als Routinemethode eingesetzt und ermöglicht globale Einblicke in Regulations- und Stoffwechsel-Netzwerke. Die Etablierung kausaler Zusammenhänge bedarf jedoch nach wie vor umfangreicher Detailuntersuchungen.

In einem GABI-Genetical Genomics-Verbundprojekt führte die detaillierte Expressionsanalyse einer Population von Gersten-Introgressionslinien zu einer genaueren Festlegung co-exprimierter Gen-Gruppen (gemeinsame Erniedrigung bzw. Erhöhung der Expression in verschiedenen Linien) und ihrer funktionellen Deutung (Arbeitsgruppe Genwirkung) sowie zur Kartierung mehrerer hundert eQTLs (durchgeführt von C. Pietsch und M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genom-Kartierung). Die Daten bedürfen der Bestätigung und einer Korrelation mit phänotypischen Merkmalen. Expressionsanalyse in Samen transgener Erbsenlinien zeigte die engen Zusammenhänge zwischen Metabolit-, Stress- und ABA-Regulation auf (Arbeitsgruppe Genwirkung). Die Interaktion von ABA-abhängigen und -unabhängigen Signalwegen bei der Steuerung der Antwort auf Langzeit-Salzstress wurde mittels Transkriptionsfaktor-Macro-Arrays in transgenen *Arabidopsis*-Linien untersucht, die antiABA-Einzelketten-Antikörper exprimieren (Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

(2) Rolle und Wirkmechanismen von Transkriptionsfaktoren, spezifischen Proteinen und Hormonen. In der Arbeitsgruppe Genregulation sind im Rahmen des trilateralen GABI-Projektes ARABIDO-SEED Methoden zur wahlweisen An- und Abschaltung der Expression von Transkriptionsfaktoren (TFs) etabliert worden, die wesentlich genauere Einblicke in regulatorische Netzwerke während der Samenentwicklung ermöglichen werden. Besonders hingewiesen sei auf die neuen Daten zur Funktion des *FUS3*-Gens. Die genaue Analyse von knock-out-Mutanten ergab, dass die bislang selektierten und analysierten splice-Mutanten zu einem Protein mit neuer Funktion führen und die eigentliche Funktion von *FUS3* weit weniger pleiotrop ist als bislang stets angenommen (Arbeitsgruppe Genregulation). Die Untersuchungen zur Funktionsaufklärung von ET-Genen (ET = Effector of Transcription, s. Jahresbericht 2005) hat gute Hinweise dafür erbracht, dass die regulatorische Rolle von ET durch Beeinflussung von DNA-Superstrukturen im Chromatin erfolgt (Arbeitsgruppe Genregulation).

(3) Dem Thema Molekularphysiologie der Samenentwicklung unter besonderer Berücksichtigung der Speicherstoffsynthesen sind mehrere Projekte in der Arbeitsgruppe Genwirkung gewidmet. Die komplexen Beziehungen zwischen Stickstoff-Aufnahme, -Metabolismus und -Transport werden mit Hilfe verschiedener transgener Erbsenlinien weiter untersucht. Die Analyse von *Vicia narbonensis*-Linien, die eine Aminosäurepermease überexprimieren, ergab, dass erhöhte

(1) Gene expression patterns underlying developmental processes

mRNA profiling, using array technology, is widely utilised to obtain global insights into metabolic and regulatory networks. However, the establishment of causal relationships still requires detailed investigation. In a collaborative genetical genomics project (GABI-SEED II), a thorough analysis of gene expression patterns in a population of barley introgression lines has succeeded in defining more closely both a set of co-regulated gene clusters, which are collectively up- or down-regulated in independent lines (Gene Expression Group), and the genetic location of several hundred eQTLs (Gene and Genome Mapping Group). These data have yet to be fully validated and correlated to phenotype. The analysis of gene expression in the seed of transgenic peas has revealed a close interrelationship between processes regulated by stress, metabolism and ABA (Gene Expression Group). A study based on *A. thaliana* transcription factor arrays and transgenics over-expressing anti-ABA single chain antibodies was able to establish a close interaction between ABA-dependent and -independent signalling pathways in response to the long-term imposition of salt stress (Phytoantibodies Group).

(2) Transcription factors, specific proteins and hormones

Within the trilateral ARABIDO-SEED GABI project, the Gene Regulation Group has developed methods to control the expression of specific transcription factors. Deeper insights into the way regulatory networks are established and function during seed development can now be expected. In a further breakthrough, the Group used knock out mutants of the *A. thaliana FUS3* gene to show that splicing defective mutants expressed truncated but functionally active proteins having a pleiotropic activity, thereby providing a partial explanation of the complex phenotype. Continued work by the Gene Regulation Group on the function of ET genes ('Effector of Transcription', see Annual Report 2005) provided strong evidence that these genes operate by changing the superstructure of the DNA.

(3) The physiology of seed development and storage product synthesis

The Gene Expression Group has devoted several projects to the molecular physiology of seed development and storage product synthesis. Several transgenic pea lines have been used to unravel the complex relationship between nitrogen uptake, metabolism and transport. Transgenic Narbonne vetch lines over-expressing an amino acid permease developed a greater seed sink strength, which generated a higher biomass but a slightly lower harvest index. For the first time, the functional role of nitric oxide (NO) with respect to seed storage was revealed. It appears that NO operates by controlling the availability of oxygen within the hypoxic seed (Gene Expression Group).

(4) Asexual modes of plant reproduction

Apomixis is studied by several groups in the IPK. A contribution of the Gene Regulation Group is the finding that the

Samen-Sink-Stärke zu einer erhöhten Biomasseproduktion führt, den Ernteindex jedoch leicht senkt. Für das gut bekannte Regulatormolekül Stickoxyd (NO) wurde erstmals eine genaue funktionelle Rolle im Samen entschlüsselt. Die Daten legen nahe, dass NO den Speicherstoffmetabolismus über eine Kontrolle der Sauerstoffverfügbarkeit im hypoxischen Samen kontrolliert.

(4) Asexuelle Formen der pflanzlichen Reproduktion (Apomixis und verwandte Prozesse). Wichtiges Ergebnis der institutsweiten Arbeiten zum Thema Apomixis ist der Befund, dass Gene der TF-Familie RWP-RK spezifisch im Eiapparat exprimiert und im Zellkern lokalisiert sind. Die selektierten *Arabidopsis*-Mutanten und transgenen Weizen- und Gersten-Linien (RNAi-Geninaktivierung) sollten wichtige Aufschlüsse zur Funktion erbringen.

(5) Umsetzung von Grundlagenerkenntnissen in angewandten Projekten: Molecular Farming in sink-Organen und die Verbesserung agronomischer Merkmale. Als besonders interessant haben sich die Versuche zur gentechnischen Erhöhung des Proteingehalts in Winterweizen erwiesen (Arbeitsgruppe Genwirkung), da hier in Zusammenarbeit mit der Nordsaat Saat-zucht GmbH erstmals ein transgener Zuchtgarten erzeugt wurde, der es gestattet, die Wirkung der eingeführten Gene in verschiedenen genetischen Hintergründen zu testen. Der Freilandversuch findet auch öffentlich großes Interesse. Von erheblicher Relevanz sind auch die Arbeiten zur effizienten Erzeugung von HIV-Antikörpern in Tabakpflanzen im Rahmen eines EU-Projektes (Arbeitsgruppe Phytoantikörper). In der gleichen Arbeitsgruppe werden die Optimierungsarbeiten zur Produktion von Spinnseidenprotein in Pflanzen fortgesetzt.

(6) Die Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse unterstützt institutsweit Projektarbeiten durch die Analyse und Visualisierung biologischer Netzwerke und dazugehöriger Daten bis hin zu Modellierung und Simulation von Prozessen. Gleichzeitig werden eigenständige Beiträge zur strukturellen Netzwerkanalyse geleistet. Plattformen zur Datenanalyse und Datenvisualisierung wurden entwickelt und stehen inzwischen über das Internet weltweit zur Verfügung (VANTED – Visualisation and Analysis of NeTworks containing Experimental Data, CentiBiN – Centralities in Biological Networks, KGML-ED – KGML pathway editor, Meta-All – Metabolic pathway database (Kooperation mit den Arbeitsgruppen Plant Data Warehouse und Bioinformatik), Mavisto – Motif analysis and visualisation toolkit).

Die folgenden Berichte der Arbeitsgruppen vermitteln einen umfassenderen Einblick in die grundlagen- wie anwendungsorientierten Forschungen der Abteilung.

Ulrich Wobus, Januar 2007

RWP-RK transcription factor family is specifically expressed in the egg apparatus and is found in the cell nucleus. *A. thaliana* mutants defective for the RWP-RK gene(s) have been selected, and RNAi lines of wheat and barley have been produced, in the expectation that more light will be shed on the specific function of this gene family during early development.

(5) The engineering of sink organs and the improvement of agronomical traits

The studies reported last year regarding an increase in the protein content of transgenic winter wheat lines are of particular interest. Together with the breeding company Nordsaat GmbH, a transgenic plant breeding nursery was established to permit the study of the function of the transgenes in various genetic backgrounds. The official sanctioning of field testing in November 2006 caused considerable public and political interest. The Phytoantibody Group, within the frame of the European Union supported project PharmaPlanta, has been seeking to efficiently produce HIV antibodies in transgenic tobacco. The same Group is also continuing its optimisation of recombinant silk fibre protein production in plants.

(6) Biological networks, modelling and simulation

The Network Analysis Group provides IPK-wide support for the analysis and visualisation of data, and develops models of processes with a view to their simulation. It offers bioinformatic contributions to structural network analysis of real data. Several tools have been developed and these are now freely available via the internet; these include VANTED (Visualisation and Analysis of NeTworks containing Experimental Data), CentiBiN (Centralities in Biological Networks), KGML-ED (KGML pathway editor), Meta-All (Metabolic pathway database – a collaboration between the Plant Data Warehouse and Bioinformatics Groups), and Mavisto (Motif analysis and visualisation toolkit).

The group reports which follow provide more detailed insights into the basic as well as applied research of the department.

Ulrich Wobus, January 2007

Research Group: Gene Expression

Head: Prof. Ulrich Wobus

Scientists

IPK financed

Borisjuk, Ljudmilla, Dr. (P)
 Rolletschek, Hardy, Dr. (P)
 Tewes, Annegret, Dr. (P)
 Weber, Hans, Dr. (P)
 Weichert, Nicola, Dr. (Annex, 01.07.–31.12.2006)
 Weschke, Winfriede, Dr. (P)

Grant Positions

Müller, Martin Dr. (BMBF, since 18.09.2006)
 Nguyen, Thuy Ha (DFG)
 Radchuk, Volodymyr, Dr. (BMBF)
 Radchuk, Ruslana (EU, till 28.02.2006; DFG, since 01.03.2006)
 Riebeseel, Erik (DFG)
 Seiler, Christiane (DFG)
 Sreenivasulu, Nese, Dr. (BMBF)
 Thiel, Johannes, Dr. (DFG, since 01.03.2006)
 Weichert, Nicola, Dr. (BMBF, till 30.06.2006)
 Weier, Diana, Dr. (DFG, since 01.05.2006)
 Weigelt, Kathleen (BMBF, till 30.06.2006; EU, since 01.07.2006)

Visiting Scientists

Chandler, Peter, Prof. (IPK, 11.09.–17.09.2006)
 Gubatz, Sabine, Dr. (self-financed)
 Zachova, Dagmar (self-financed, 14.05.–03.06.2006)

Goals

Regulatory networks operating during embryogenesis and seed development; in particular, the genetic and metabolic control of developmental and metabolic processes.

Research Report

Our aim is to develop an holistic understanding of plant seed development, and thereby elaborate strategies aimed at the improvement of seed quality and yield. Experimental work has been targeted to the cereals barley and wheat, and the grain legumes field bean (*Vicia faba*), Narbonne vetch (*V. narbonensis*) and pea. The overarching goal of a detailed understanding of the process of seed development has been pursued in a number of both ongoing and new

projects concerned with gene expression and/or seed physiology. We have sought to improve our knowledge of the specific genes and processes which play a major role in determining storage product accumulation and seed sink strength, and have paid increased attention to how the interplay between the seed and the vegetative parts of the plant regulates sink strength and determines seed quality.

(1) The **genetical genomics of barley caryopsis development** has been studied in the GABI-SEED II project. The regulatory cascades and putative key regulators of development in the maternal tissues, the endosperm and the embryo of barley caryopses have been described (Sreenivasulu et al. 2006). In an extension of this work, an expression analysis has now been performed on a set of advanced backcross (BC3) lines derived from the cross 'Brenda' × *Hordeum spontaneum* 213. A number of expression QTL (eQTL), based mainly on tissues sampled 25 days after flowering (DAF), has been identified, mapping to chromosomes 2H and 7H. The robustness of these eQTL, and their genetic location in relation to conventional QTL underlying agriculturally important traits is now under study (N. Sreenivasulu and V. Radchuk, together with C. Pietsch and M. Strickert/Department of Cytogenetics and Genome Analysis). In barley, a series of robust clustering/classification methods has been applied to a transcriptomic time series. The use of PAGEMAN and MAPMAN for gene identification has led to the recognition of differential regulation between genetically distinct plants, and the development of a suite of new visualisation tools (N. Sreenivasulu, M. Strickert and B. Usadel/MPI Golm; Usadel et al. 2006, see Fig. 31, p. 94).

(2) In collaboration with B. Manz/Fraunhofer Institute, St. Ingbert and R. Pielot (Department of Cytogenetics and Genome Analysis), 16 **3-D NMR models of barley** caryopses have been generated, sampled over the period between anthesis and 26 DAF. (For further details, see the Pattern Recognition Group report.) A method has been developed for the preparation, from micro-samples of barley caryopsis tissue, of cDNA probes for macroarray hybridisation. The resulting expression data are highly comparable (>85 %) with those obtained from a macro-analysis of the same material (J. Thiel and M. Strickert). The method will allow for the study of cell- and tissue-specific expression from micro-dissected developing barley caryopses.

(3) The **jekyll** gene is of particular interest, since in addition to its known function in early seed development (Radchuk et al. 2006), it is also expressed in developing anthers, where it plays a role in the spermatophyte-gametophyte interaction. In transgenic plants engineered to express a lower level of JEKYLL, anther development was compromised, with a result that the rate of fertilisation and hence the final grain number, was reduced. As JEKYLL is present in the intracellular membrane of the nucellar projection (in cooperation with T. Rutten and B. Claus, Department of Molecular Cell Biology), it also appears to be involved in the induction of programmed cell death (V. Radchuk and L.

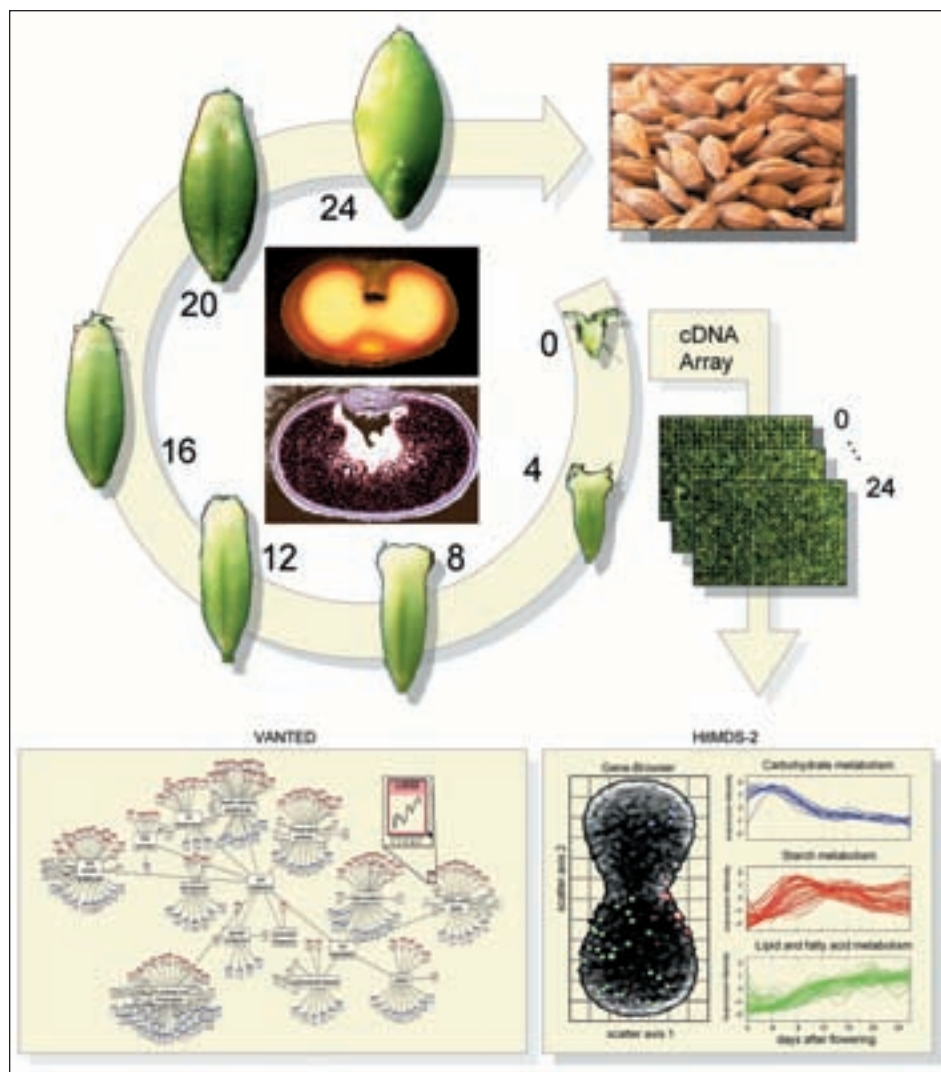


Fig. 31: Temporal shifts in important metabolic processes during barley grain development from fertilization (0 days after flowering; DAF) until maturation stage (24 DAF) symbolized as open circle. Cross sections within the circle show starch accumulation (dark violet) in the endosperm at 16 DAF (bottom panel) and lipid accumulation (red) mainly in the aleurone layer covering the endosperm at 24 DAF (upper panel). The temporal transcriptome data of ~12,000 genes on the cDNA array collected from the endosperm/aleurone fraction from 0 to 24 DAF in two day intervals are visualised in the gene browser of the bioinformatic tool HMMDS-2. The gene browser highlights co-expressed peaks of expression of carbohydrate metabolism during 2-6 DAF, starch biosynthesis genes during 8 to 16 DAF followed by peaks of fatty acid and lipid biosynthesis genes during 18 to 26 DAF. The colour-emphasised regions of similar functional groups of co-expressed genes found in the two-dimensional space of the gene browser on the left hand side are eventually extracted and assigned to the corresponding functional gene expression profiles on the right side. The bioinformatic tool VANTED (lower left) visualizes a time series of transcriptome data of lipid biosynthesis genes from the endosperm/aleurone fraction (0 to 26 DAF; in two day intervals). MapMan functional hierarchies of lipid metabolism are used with VANTED graph elements. Time series clustered data were obtained by self organising map (SOM) algorithms and visualised based on automatic graph layout (red: up-regulated, blue: down-regulated). The inlet shows an exemplary expression profile of gene cn8068 = GDSL lipase involved in lipid degradation (M. Strickert, C. Klukas, L. Borisjuk, N. Sreenivasulu).

Borisjuk). The role of distinct α -, β - and γ -tubulin genes in barley seed development has been analysed as part of a side project (V. Radchuk et al., manuscript submitted).

(4) We have continued to analyse a set of **transgenic winter wheat lines showing increased grain protein content**. In lines over-expressing a plant amino acid permease (VfAAP1), protein yield/plant increased, seed size (thousand grain weight) was reduced, but overall grain yield/plant remained unaffected. On the other hand, in lines over-expressing a cereal sucrose transporter, both seed size and grain yield were reduced, while protein yield/plant was increased. All the over-expressors of AAP1 flowered significantly earlier than the wild type (N. Weichert and H. Weichert). Field trials were started in November 2006 to confirm these results, which were obtained from glass-house-grown materials. This experiment will test the original transgenics, along with 816 independent derivatives from crosses between these and seven non-transgenic breeding lines, to evaluate the influence of genetic background on the expression of the key parameters.

(5) To understand **nitrogen uptake, metabolism and transport**, we have continued to characterise **the role of transporters and SnR kinases**. Seed specific expression of VfAAP1 in pea and bean resulted in an increase by between 10 and 25 % in seed nitrogen content (Rolletschek et al. 2005), an increase confirmed under field conditions (K. Weigelt). A microarray-based expression analysis of VfAAP1 in pea seeds was performed in Bielefeld, and the evaluation of these data is in progress (K. Weigelt, R. Radchuk and H. Küster/Bielefeld University). In the frame of an InnoPlanta project (finalized in July 2006), further novel lines of pea, over-expressing potato PEPC (sense), adenylate kinase (antisense) and ADP/APT translocator (antisense), have been generated and partially characterized (K. Weigelt and I. Saalbach).

The molecular characterisation of the peptide transporter VfPTR1 has been advanced via a peptide-derived antibody study of cell-type specific expression and subcellular localisation. The VfPTR1-promoter has been cloned and fused to GFP. Pea seeds have been transformed with both VfPTR1 and VfAAT1, each under control of the phloem-specific *A. thaliana* SUC2-promoter. A number of homozygous lines are now available, but no clear phenotype has emerged,

and in particular, no increase in seed protein content has been observed (C. Seiler). Transgenic pea plants expressing either LeB4-AAP1 or SUC2-AAP1 have been inter-crossed and double homozygotes have been isolated in a search for possible synergies between these promoters.

(6) The over-expression of PEP carboxylase in *V. narbonensis* seeds alters seed metabolism and channels carbon into organic acids. This results in a greater seed storage capacity and increased protein content (Rolletschek et al. 2004, *Plant Biotechnol. J.* 2, 211). These lines thus present models for studying the effect of increased sink strength and improved nutrient status. Array-based gene expression analysis has revealed a broad up-regulation of seed metabolism, especially during the transition phase and at late maturation. The stimulation of cell elongation is in accordance with up-regulated signaling pathways related to the action of gibberellic acid/brassinosteroids. Organic acid production may provide signals for a coordinated up-regulation of amino acid biosynthesis. The concomitant activation of stress tolerance genes indicates a partial overlap between nutrient status, level of stress and ABA, indicating a common interaction between the respective regulatory mechanisms (R. Radchuk, K.-P. Götz, Berlin and N. Emery, Trent University, Canada). **Snf1-like** kinases play a central role in adapting metabolism to environmental conditions. Pea plants with antisense-repressed SnRK1 in their seed were described in the 2005 Annual Report (see also Radchuk et al. 2006). A further analysis of these seeds has revealed that they contain significantly less ABA than the wild type, and we are currently analysing levels of cytokinin, ABA and adenosine (R. Radchuk and N. Emery).

(7) The key role of plastids in tissue differentiation, oxygen production and energy storage during embryogenesis in field bean, pea, oilseed rape and soybean was confirmed. A gradient in the expression of plastidial genes, the structural and biochemical characteristics of plastids, and their contribution to cell metabolism within embryonic tissues was demonstrated in pea seeds (T.H. Nguyen and R. Radchuk). In cooperation with partners from BayerCropScience, an investigation of various industrial oil producing seeds was initiated (H. Rolletschek and L. Borisjuk).

(8) The role of plastidial metabolite translocators in seed storage product synthesis and assimilate distribution in legume seeds was investigated using a transgenic approach, based on the seed-specific promoter LeB4. *V. narbonensis* GPT1 plays a regulatory role in the translocation of glucose-6-phosphate/phosphate in developing seeds. The level of GPT1 abundance/activity is rate-limiting for the synthesis of starch in developing seeds, and exerts a controlling function for assimilate partitioning into storage protein. It is essential both for the differentiation of embryonic plastids and for seed maturation (H. Rolletschek, T.H. Nguyen and L. Borisjuk). Investigations are continuing using transgenic plants expressing both sense and antisense GPT1 (H. Nguyen, E. Riebeseel and H. Küster). In addition, a set of plasti-

dial translocators from soybean and pea has been cloned and their spatial and temporal expression patterns have been analysed in developing seeds (T.H. Nguyen). Plant regeneration is being attempted from pea seeds transformed with a plastidial PEP translocator (AtPPT), a plastidial ATP/ADP translocator (AtAAT) and a plastidial OMT-(oxalacetate-malate translocator) antisense construct, although this is proving difficult because of toxic effects of the transgenic products (K. Weigelt, T.H. Nguyen and E. Riebeseel).

(9) Topographical approaches aimed at achieving a better understanding of seed development have included the visualisation of metabolite and storage product gradients in developing seeds using 'metabolic imaging' by non-invasive NMR-spectroscopy (in cooperation with T. Neuberger/A. Webb, Penn State University, USA and P. Jacob, Würzburg University, Germany) and GC-lipid quantification (in cooperation with I. Feussner, Georg-August-University of Göttingen). Steep gradients in lipid content have been identified within individual grains, and these have been tracked during development. Lipid mapping, coupled with macroarray expression analysis, biochemical measurements and electron microscopy have demonstrated a high level of tissue-specificity of oil storage *in vivo*. The developmental arrangement of oil accumulation appears to be closely coordinated with seed maturation and the acquisition of desiccation tolerance (L. Borisjuk, N. Sreenivasulu and H. Rolletschek; manuscript submitted).

(10) The sink-source relationship and the partitioning of assimilate are altered when seed development is perturbed. The over-expression of VfAAP1 in *V. narbonensis* seeds increases nitrogen sink strength, as described above. This has an effect on seed growth and development, as well as on whole plant nitrogen and nitrogen uptake and partitioning. Based on an extensive set of measurements, an increased seed nitrogen sink strength was shown to stimulate seed and vegetative organ growth and lead to a lower harvest index but a higher overall biomass. The increased nitrogen uptake in response to a higher seed demand is partly compensated by a stimulation in the growth of the vegetative organs (in collaboration with K.-P. Götz, Berlin, A. Richter, Vienna, et al., manuscript submitted).

(11) To study the regulatory role of nitric oxide (NO) during seed development, an integrated approach to control embryo responses by altering NO/oxygen levels was developed for use with isolated soybean and pea embryos. The topographical changes in ATP in response to NO-treatment were visualised in soybean embryos. NO has an effect on specific mitochondrial complexes and energy production in a dosage-dependent manner (in cooperation with Dr. Macherel, INRA, France). From the behaviour of transgenic *A. thaliana* and pea over-expressing non-symbiotic hemoglobins, a preliminary conclusion is that the transgene affects endogenous NO levels and the storage metabolism (H. Rolletschek, T.H. Nguyen, J. Thiel and L. Borisjuk; manuscript submitted).

(12) Continuing a series of long term experiments, tissue culture protocols were optimised for plant regeneration and protoplast isolation. These are largely aimed at **transient gene expression/promoter analysis studies**, carried out in collaboration with several IPK research groups (A. Tewes).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity; Prof. A. Graner, Dr. N. Stein;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Prof. I. Schubert, Dr. I. Lermontova;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Gene and Genome Mapping; Dr. M. Röder, Dr. C. Pietsch;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Pattern Recognition; Dr. U. Seiffert, C. Brüb, R. Pielot, Dr. M. Strickert;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz, Dr. M. Lange;
Dep. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumllein, R. Ivanov;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Phytoantibodies; Dr. U. Conrad, K. Schallau;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Network Analysis; Dr. F. Schreiber, C. Klukas;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M. Hajirezai;
Dep. of Molecular Cell Biology; Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock, Dr. A. Matros, K. Witzel;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer, B. Claus, Dr. T. Rutten;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kümlehn, Dr. I. Saalbach.

Outside the Institute:

Friedrich-Alexander-University Erlangen-Nürnberg, Institute of Botany and Pharmaceutical Biology, Dept. of Molecular Plant Physiology, Erlangen; Prof. N. Sauer;
Johannes Gutenberg University Mainz, Institute of Physiology and Pathophysiology, Mainz; Dr. S. Walenta;
Bavarian Julius Maximilians University Würzburg, Institute of Physics, Würzburg; Dr. P.M. Jakob;
Konrad Zuse Centre, Berlin; D. Stalling, H.-C. Hege;
Nordsaat Saatzucht GmbH, Böhnshausen;
Dr. R. Schachschneider;
University of Kaiserslautern, Plant Physiology, Kaiserslautern; Prof. E. Neuhaus;
University of Cologne, Institute of Botany, Cologne;
Dr. R. Häusler, Dr. K. Fischer;
Justus Liebig University Gießen, Institute of Botany 1, Gießen; Prof. A. van Bel, Dr. J. Hapke;

Humboldt University Berlin; Institute of Crop Science, Dept. of Crop Production in Tropical and Subtropical Areas, Berlin; Dr. K.-P. Götz;
Georg-August-University Göttingen, Albrecht von Haller Institute for Plant Sciences, Biochemistry of Plant, Göttingen; Prof. I. Feussner;
Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Dept. of Metabolic Network, Golm; Prof. M. Stitt, Dr. B. Usadel, Dr. P. Geigenberger;
Fraunhofer Institute for Biomedical Techniques (IBMT), St. Ingbert/Saar; Dr. F. Volke, B. Manz;
INRA, Dijon, France; Dr. R. Thompson, Dr. J. Burstin;
University of Vienna, Institute of Ecology and Protection of Nature, Vienna, Austria; Prof. A. Richter, Dr. T. Peterbauer;
Université d'Angers, France; Prof. D. Macherel;
Beckman Institute, University of Illinois, Urbana Champaign, USA; A.G. Webb;
University of Newcastle, School of Environmental and Life Science, Newcastle, Australia; Prof. J. Patrick;
Trent University, Plant Biology, Trent, Canada;
Prof. R.J.N. Emery;
CICS, Sevilla, Spain; J.M. Martinez Rivas, M. Mancha;
University of Bern, Institute of Plant Science, Bern, Switzerland; Prof. D. Rentsch;
University of Zurich, Plant Science, Zurich, Switzerland;
Prof. E. Martinoia.

Publications

Peer Reviewed Papers

ENDLER, A., S. MEYER, S. SCHELBERT, T. SCHNEIDER, W. WESCHKE, S.W. PETERS, F. KELLER, S. BAGINSKY, E. MARTINOIA & U.G. SCHMIDT: Identification of a vacuolar sucrose transporter in barley and *Arabidopsis* mesophyll cells by a tonoplast proteomic approach. *Plant Physiol.* 141 (2006) 196–207.
JOGESWAR, G., R. PALLELA, N.M. JAKKA, P.S. REDDY, J.V. RAO, N. SREENIVASULU & P.B.K. KISHOR: Antioxidative response in different sorghum species under short-term salinity stress. *Acta Physiol. Plant.* 28 (2006) 465–475.
LOPATO, S., L. BORISJUK, A.S. MILLIGAN, N. SHIRLEY, N. BAZANOVA & P. LANGRIDGE: Systematic identification of factors involved in post-transcriptional processes in wheat grain. *Plant Mol. Biol.* 62 (2006) 637–653.
RADCHUK, R., V. RADCHUK, W. WESCHKE, L. BORISJUK & H. WEBER: Repressing the expression of the *SUCROSE NONFERMENTING-1 RELATED-PROTEIN KINASE* gene in pea embryo causes pleiotropic defects of maturation similar to an abscisic acid-insensitive phenotype. *Plant Physiol.* 140 (2006) 263–278.
RADCHUK, V., L. BORISJUK, R. RADCHUK, H.-H. STEINBISS, H. ROLLET SCHEK, S. BROEDERS & U. WOBUS: *Jekyll* encodes a novel protein involved in the sexual reproduction of barley. *Plant Cell* 18 (2006) 1652–1666.
RÖDER, M.S., C. KAISER & W. WESCHKE: Molecular mapping of the shrunken endosperm genes *seg8* and *sex1* in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Genome* 49 (2006) 1209–1214.

- SREENIVASULU, N., V. RADCHUK, M. STRICKERT, O. MIERSCH, W. WESCHKE & U. WOBUS: Gene expression patterns reveal tissue-specific signaling networks controlling programmed cell death and ABA-regulated maturation in developing barley seeds. *Plant J.* 47 (2006) 310–327 und Titelseite.
- STRICKERT, M., U. SEIFFERT, N. SREENIVASULU, W. WESCHKE, T. VILLMANN & B. HAMMER: Generalized relevance LVQ (GRLVQ) with correlation measures for gene expression analysis. *Neurocomputing* 69 (2006) 651–659.
- USADEL, B., A. NAGEL, D. STEINHAUSER, Y. GIBON, O.E. BLASING, H. REDESTIG, N. SREENIVASULU, L. KRALL, M.A. HANNAH, F. POREE, A.R. FERNIE & M. STITT: PageMan: an interactive ontology tool to generate, display and annotate overview graphs for profiling experiments. *BMC Bioinformatics* 7 (2006) 535.

Book Chapters

- BRÜB, C., F. BOLLENBECK, F.-M. SCHLEIF, W. WESCHKE, T. VILLMANN & U. SEIFFERT: Fuzzy image segmentation with fuzzy labelled neural gas. Proceedings of the 14th European Symposium on Artificial Neural Networks 'ESANN 2006', Bruges, Belgium. D-Side Publications, Evere/Belgium (2006) 563–568.
- STRICKERT, M., N. SREENIVASULU, S. PETEREK, W. WESCHKE, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT: Unsupervised feature selection for biomarker identification in chromatography and gene expression data. In: SCHWENKER, F. & S. MARINAI (Eds.): Artificial neural networks in pattern recognition: second IAPR Workshop, ANNPR 2006, Ulm, Germany, August 31 – September 2, 2006. Proceedings. (Lecture Notes in Artificial Intelligence; 4087). Springer, Berlin (2006) 274–285.
- STRICKERT, M., N. SREENIVASULU & U. SEIFFERT: Sanger-driven MDS-Localize – a comparative study for genomic data. Proceedings of the 14th European Symposium on Artificial Neural Networks 'ESANN 2006', Bruges, Belgium. D-Side Publications, Evere/Belgium (2006) 265–270.
- WOBUS, U. & N. SREENIVASULU: Genomics approaches for the improvement of cereals. In: Freitag, J. (Ed.): Plant genomics and bioinformatics expression micro arrays and beyond: a course book (European Training and Networking Activity). MPI-MPP, Potsdam-Golm (2006) 146–155.

Patents

Borisjuk, L., Rolletschek, H.: Sauerstoff-Mapping in Samen von Kulturpflanzen. Betriebsgeheimnis IPK vom 20.07.2006, IPK-Nr.: 2006/06.

Lectures, Posters and Abstracts

V14, V18, V21, V181, V189, V190, V197, V234, V240, V241, V242, V243, V244, V245, V275, V276, V277, V278, V279, V280, V281, V282, V283, V284, V301, V302, P17, P18, P19, P31, P85, P86, P87, P98, P132, P144, P145, P146, P153, P154, P155, P156, P157, P158, P160, P165, P166, P167, P177, P180, P181, P182, P183, P184, P185, P191, P192, P196, P210, P211, P215, P223.

Additional Funding

For further information see the survey page 187–188.

Research Group: Gene Regulation

Head: Dr. Helmut Bäumlein

Scientists

IPK financed

Ivanov, Rumen (Annex, till 30.04.2006)
Miroshnyshenko, Sergey, Dr. (Annex, 01.02.–31.07.2006)
Schallau, Anna (Annex, since 01.08.2006)
Tiedemann, Jens, Dr. (P, till 31.07.2006)
Winter, Hendrik, Dr. (P, since 06.10.2006)

Grant Positions

Vorwieger, Astrid (BMBF)

Visiting Scientists

Koszegi, Dávid (BMBF)
Miroshnyshenko, Sergey, Dr. (IPK, since 01.11.2006)
Schallau, Anna (DAAD, till 31.07.2006)
Shutov, Andrei, Prof. (IPK, 31.05.–10.06.2006)

Scholars

Le Hong, Diep (scholarship DAAD, since 29.09.2006)

Goals

The analysis of gene expression during plant embryogenesis.

Research Report

Genetic approaches have identified at least five loci as essential for the control of **apomixis** in Kentucky bluegrass (*Poa pratensis*). Various experimental systems have been used to identify these genes at the molecular level. A putative CAPS-marker for **apospory in *Hypericum* has been further developed** and confirmed (D. Koszegi and A. Schallau), providing the basis for the identification of genomic clones in the region of the gene within a newly available BAC library (in cooperation with T. Sharbel). Sexual and parthenogenetic wheat egg cells have provided the experimental basis for the study of the molecular processes during egg cell activation and parthenogenesis (A. Czihal). Selected cDNA clones derived from a parthenogenetic egg cell library have been sequenced (in cooperation with L. Altschmied, U. Hähnel and J. Kumlehn). More detailed investigations revolve around the characterisation of the transcription factor gene family RWP_RK in wheat, barley, and in *A. thaliana*. These genes are specifically expressed in the egg appa-

ratus and their products have been localised to the nucleus (D. Koszegi and J. Tiedemann). Remarkably, related genes in *Chlamydomonas* have also been shown to be involved in the control of gamete identity (Goodenough et al., Genetics 146 (1997). Single and double T-DNA insertion mutants involving two *A. thaliana* RWP_RK genes are currently being characterised (D. Koszegi and H. Bäumlein), and several transgenic barley and wheat lines carrying RNAi constructs targeted to RWP_RK genes have been established (D. Koszegi and J. Kumlehn). The analysis of these lines is ongoing.

A second research theme focuses on gene regulation during the late **embryogenesis** of *A. thaliana* (A. Vorwieger, J. Tiedemann and A. Czihal). The Trilateral ARABIDO-SEED project (see Fig. 30, p. 89) seeks to characterise the regulatory network during seed development (in cooperation with U. Conrad, G. Mönke, L. Altschmied and I. Grosse). Particular progress concerns a set of transgenic *A. thaliana* lines engineered to have hormone-regulated expression of several transcription factor genes (A. Vorwieger). Two experimental approaches have been applied: a) a transcription factor fusion to the glucocorticoidreceptor (GR) domain and b) the estradiol regulated XVE-system. Permanent induction of a LEC1 construct during germination leads to ectopic embryogenesis and the formation of embryo-like structures on root tips, similar to what occurs in the *pickle* mutant (see Fig. 32, p. 99). Several transcription factor genes under the control of the estradiol inducible XVE element have been expressed, and homozygous lines are currently being selected. Permanently induced LEC1::XVE seedlings exhibit phenotypes which are in part similar to that of the corresponding GR fusion construct (A. Vorwieger). A comparative analysis of a T-DNA insertion allele versus an EMS-generated allele of the *FUS3* gene has led to interesting new insights into *FUS3* regulated processes, and has allowed for the dissection of a complex seed phenotype. The splice site mutants are neomorphic in nature, and have forced a reinterpretation of *FUS3* functions (J. Tiedemann). The molecular analysis of ET-factors has been continued, focused on the functional analysis of the predicted UVRC-like single strand nuclease domain conserved in all plant ET-factors. For this purpose, the ET-derived UVRC-like domain replaced the corresponding domain of the *E. coli* UVRC protein. UV-irradiation experiments demonstrated that the plant factor derived domain can act as a single strand cutting domain and cooperates productively with the residual part of the bacterial protein. Further support came from the observation that the mutation of a highly conserved arginin into an alanine residue at the active centre of the domain results in a reduction of the single strand cutting activity of the chimeric protein (R. Ivanov, Le Hoang Diep and H. Bäumlein). Together our work supports the hypothesis that ET factors act as regulators of gene expression via their putative influence on higher order DNA structure.

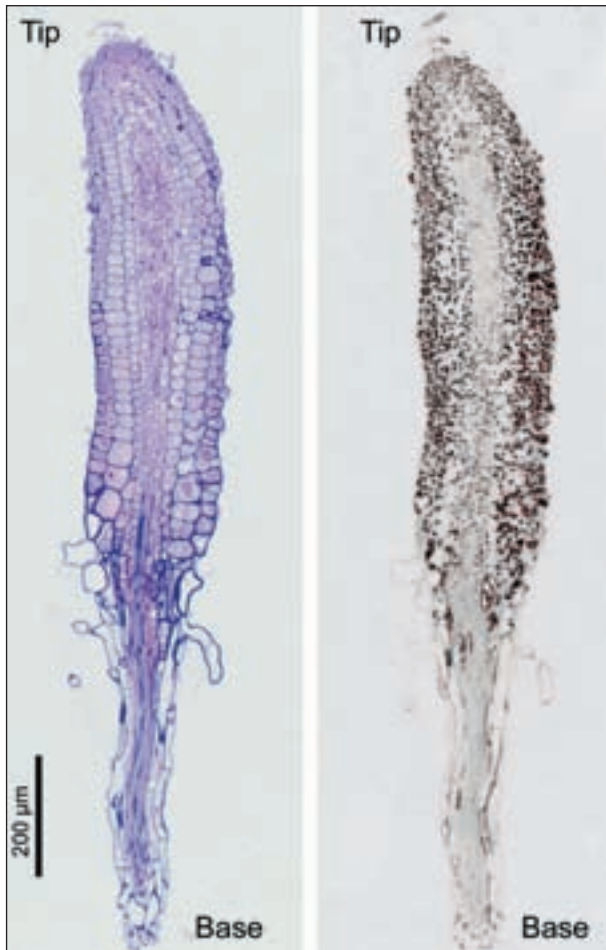


Fig. 32: Hormon controlled expression of the regulator gene LEAFY COTYLEDON1 triggers ectopic embryo formation on root tips of *Arabidopsis*. Left: histology of a longitudinal section, Right: Detection of starch accumulation (A. Vorwieger, T. Rutten).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse;
Dr. I. Große, M. Mohr;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Apomixis; Dr. T. Sharbel;
Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Expression Mapping; Dr. L. Altschmied;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Prof. U. Wobus, Dr. A. Tewes;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Phytoantibodies; Dr. U. Conrad, Dr. G. Mönke;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer, Dr. T. Rutten;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlehn.

Outside the Institute:

Technical University, Braunschweig; R. Hänsch;
University of Göttingen, Göttingen; Dr. W. Dröge-Laser;
University of Göteborg, Göteborg, Sweden; Dr. M. Ellerström;
University of Zurich, Zurich, Switzerland;
Prof. U. Großniklaus.

Publications

Peer Reviewed Papers

ZIMMERMANN, G., H. BÄUMLEIN, H.-P. MOCK, A. HIMMELBACH & P. SCHWEIZER: The multigene family encoding germin-like proteins of barley. Regulation and function in basal host resistance. *Plant Physiol.* 142 (2006) 181-192.

Lectures, Posters and Abstracts

V33, V34, V238, V239, V273, P61, P62, P85, P86, P87, P123, P125, P180, P196, P205, P206, P226, P227.

Additional Funding

For further information see the survey page 188.

Research Group: Phytoantibodies

Head: Dr. Udo Conrad

Scientists

IPK financed

Gahrtz, Manfred, Dr. (0,5 Annex)

Mönke, Gudrun, Dr. (P)

Nguyen, Lai Thanh (Annex, since 01.03.2006)

Grant Positions

Floß, Doreen (EU)

Münnich, Cora, Dr. (BMBF, till 30.06.2006)

Schallau, Kai (LSA, till 31.12.2006)

Visiting Scientists

Herrmann, Isabella (University Halle-Wittenberg,
02.01.–31.12.2006)

Hoang, Phan Trong (IPK, 08.05.–30.09.2006)

Scholars

Nguyen, Lai Thanh (scholarship Vietnam, till 28.02.2006)

Rakhimova, Marziya (scholarship Leibniz-DAAD)

Tran My, Linh (scholarship Vietnam)

Goals

Tissue- and development-specific immunomodulation of phytohormone functions and viral proteins in transgenic plants, the development of the chromatin IP method with recombinant and classical antibodies for the molecular analysis of seed development and the production of recombinant silk fibre proteins and recombinant therapeutic antibodies and vaccines in transgenic plants.

Research Report

'Molecular Pharming' experiments have been extended to include the production in plants of **recombinant spider silk proteins** as a source of novel materials for technical and medical purposes. Plant expression vectors carrying N-terminal spider silk fragment sequences (FLAG) and constant C-terminal sequences both with and without a *cmyc* tag have been constructed and transient transgene expression has been verified. The analysis of stable transformants is in progress. ELP-Fc fusion proteins have been extracted and purified from transgenic tobacco leaves. Membranes have been prepared, and these have been characterised by micro-mechanical tests (U. Spohn, IWM Halle, M. Rakhimova and U.

Conrad). Spider silk protein derivatives have been successfully produced in tobacco seeds, from which plants were propagated and proteins purified. Constructs have been prepared for the post-translational dimerisation of spider silk proteins *via* transglutaminase (K. Schallau).

As part of the Pharma-Planta project, we have studied the **production of two neutralising anti-HIV antibodies** (2G12 and 2F5) in the form of ELP fusions in transgenic plants. Heavy and light chain (both antibodies with and without ELP and under the control of the CaMV35S, USP or LeB4 promoter) producing transgenic tobacco plants have been inter-crossed, and complete antibodies of the expected size have been detected in both leaves (CaMV35S::2F5, and ::2G12) and seeds (USP::2F5, or LeB4::2F5). ELISA carried out using leaf extracts detected the specific binding of the antigen in all four variants, as also from the USP::2F5 construct in seed extracts. Affinity purified 2F5 was able to neutralise HIV in a syncytium inhibition assay (D. Floß and G. Stiegler, Polymun Scientific, Vienna). Doubly homozygous plants carrying both CaMV35S::2F5 and CaMV35S::2F5::ELP have been produced via the double haploid technique (D. Floß, I. Saalbach and J. Kumlehn, see Fig. 33, p. 101).

Further work is aimed at exploiting ELP to over-express, and then to partly purify **antigens for vaccination** from transgenic plants. Tuberculosis antigen ELP fusions have been produced in transgenic tobacco plants and partially purified, and T-cell activation tests are under-way (D. Floß and L. Dedieu, CIRAD Montpellier). Antigens of the H5N1 avian flu virus, both with and without ELP, have been transiently expressed in tobacco leaves. Stable transformants expressing a portion of these antigens have been identified (Phan Trong Hoang and U. Conrad).

A microarray analysis of transcription factor expression has been carried out to characterise the response to long-term salt stress in *A. thaliana* transgenics expressing antiABA scFv in the ER. A number of ABA-dependent and ABA independent transcription factors has been identified, and ten of these have been verified using quantitative real time PCR. The highly regulated transcription factors include a member of the HD-zip family (homeobox-leucine zipper protein ATHB7) and a member of the NAC family (ANAC19). In stressed plants containing either no, or a low level of ABA, the induction of these factors is independent of ABA. At high ABA levels, their expression is greatly enhanced and is regulated by ABA. These genes provide examples of cross-talk between the ABA-dependent and ABA-independent pathways, related to the response to abiotic stress (Nguyen Lai Thanh).

In *A. thaliana*, **seed-specific transcription factors** have key regulatory functions during the development of mature seeds. Chromatin from developing *A. thaliana* seeds has been prepared and precipitation experiments have been performed with antibodies specific to the transcription factor ABI3. A specific target (napin3 promoter) was successfully enriched in this way. The enriched promoter fragments were hybridised to a promoter array (SAP) and the identifi-

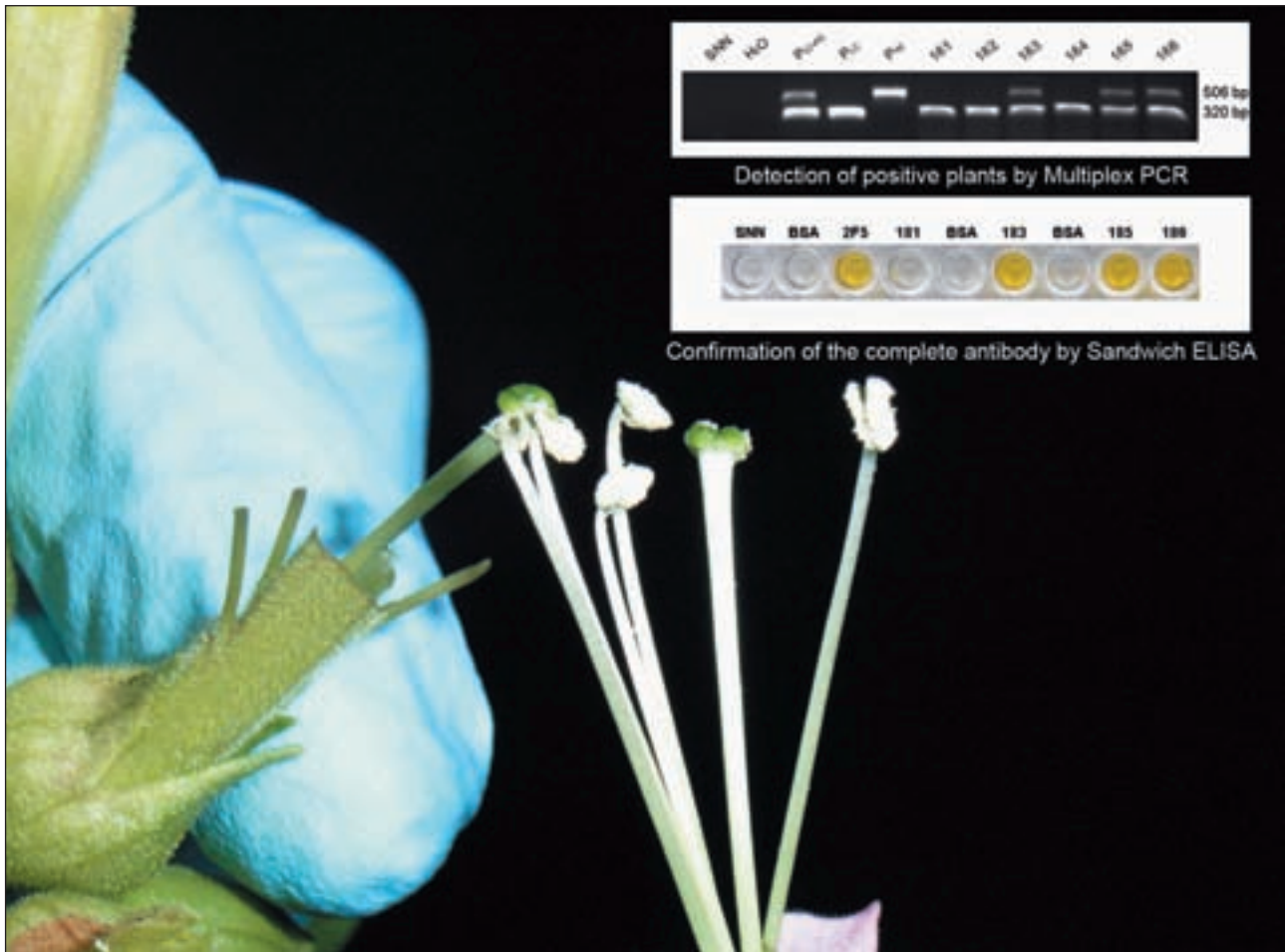


Fig. 33: Crossing of different transgenic tobacco lines: F1 generation plants are analysed for the presence of antibody light and heavy chain genes and for the complete antibody by Multiplex PCR (SNN: Wild type *N. tabacum* cv. SNN; P_{LC+HC}: Plasmid DNA 2F5 LC + 2F5 HC; P_{LC}: Plasmid DNA 2F5 LC; P_{HC}: Plasmid DNA 2F5 HC; 181-186: F1 plants) and Sandwich ELISA (2F5: 2F5 standard derived from CHO cells; SNN: Wild-type *N. tabacum* cv. SNN; BSA: Dilution buffer) (D. Floß, M. Gahrtz, U. Conrad).

cation of specific targets is in progress (G. Mönke and U. Hähnel). The transcription factor ATMYB77 has been over-expressed in the cytosol of transgenic *A. thaliana* plants and a homozygous line has been extracted. The expression of other transcription factors in this line is being compared to that in the wild type, and a knock-out line is being characterised in detail using a macro-array approach (Tran My Linh and A. Czihal).

To enhance the stability of anti-BYDV scFv in the plant cytosol, possible mutation sites in the framework regions have been identified and some mutations have been introduced. Detailed expression studies in both transgenic plants and bacteria are in progress (A. Honegger, ETH Zurich and M. Gahrtz).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function;
Dr. A. Houben;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Expression Mapping; Dr. L. Altschmied;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. W. Weschke;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumlein;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kümlehn.

Outside the Institute:

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Aschersleben; Dr. J. Schubert;

IWM, Halle/S.; Dr. U. Spohn;

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Pharmaceutical Biology, Halle/S.; Prof. W. Roos;

TITK, Rudolstadt; Dr. K. Heinemann;

Centre of Green Gene Technology, Neustadt a. d. Weinstraße; Dr. K. Bonrood, Dr. G. Krezal; RWTH, Aachen; Dr. E. Stöger; Fraunhofer IME, Aachen; Dr. S. Schillberg; CIRAD, Montpellier, France; Dr. L. Dedieu; IBT, Hanoi, Vietnam; Prof. Le Tran Binh.

Publications

Peer Reviewed Papers

JUNGHANS, F., M. MORAWIETZ, U. CONRAD, T. SCHEIBEL, A. HEILMANN & U. SPOHN: Preparation and mechanical properties of layers made of recombinant spider silk proteins. *Appl. Physics A* 82 (2006) 253–260.

KOVALEVA, M., I. BUSSMEYER, B. RABE, J. GRÖTZINGER, E. SUDARMAN, J. EICHLER, U. CONRAD, S. ROSE-JOHN & J. SCHELLER: Abrogation of viral interleukin-6 (vIL-6)-induced signaling by intracellular retention and neutralization of vIL-6 with an anti-vIL-6 single-chain antibody selected by phage display. *J. Virol.* 80 (2006) 289–292.

LIN, M., S. ROSE-JOHN, J. GRÖTZINGER, U. CONRAD & J. SCHELLER: Functional expression of a biologically active fragment of soluble gp130 as an ELP-fusion protein in transgenic plants: purification via inverse transition cycling. *Biochem. J.* 398 (2006) 577–583.

SCHELLER, J., M. LEPS & U. CONRAD: Forcing single-chain variable fragment production in tobacco seeds by fusion to elastin-like polypeptides. *Plant Biotechnol. J.* 4 (2006) 243–249.

Lectures, Posters and Abstracts

V43, V44, V55, V56, V182, P41, P42, P125, P126, P127, P133, P169, P199, P205, P206.

Additional Funding

For further information see the survey page 188.

Research Group: Network Analysis

Head: Dr. Falk Schreiber

Scientists

IPK financed

Grafahrend-Belau, Eva (Annex, since 15.06.2006)

Junker, Björn, Dr. (Annex, till 28.02.2006)

Grant Positions

Klukas, Christian (BMBF)

Koschützki, Dirk (BMBF)

Schwöbbermeyer, Henning (BMBF)

Visiting Scientists

Junker, Björn, Dr. (BIC-GH, 07.08.–18.08.2006)

Masoudi-Nejad, Ali, Dr. (BIC-GH, 24.08.–11.09.2006)

Hong, Seok Hee, Dr. (BIC-GH, 21.09.–29.09.2006)

Goals

Modelling, analysis, simulation and visualisation of biochemical networks in the context of plant biological problems.

Research Report

We have continued to successfully develop methods for the analysis of experimental data. Novel techniques for integrating diverse high-throughput data into biological processes (networks, e.g. metabolic pathways) and functional hierarchies (e.g. Gene Ontology) dynamically derived from data sources have been presented and implemented in **VANTED** (Visualisation and Analysis of NeTworks containing Experimental Data; Junker et al. 2006). This analysis and visualisation of experimental data in the context of the underlying networks helps in understanding biological processes in plants (see Fig. 34, p. 104). The methods have been developed in close collaboration with experimental groups (Research Groups Molecular Plant Physiology, Gene Expression and Applied Biochemistry). VANTED is now a freely available tool (<http://vanted.ipk-gatersleben.de>) and used not only within the IPK, but also by external cooperation partners and other scientists to analyse their data.

In collaboration with the Bioinformatics Research Group and the Plant Data Warehouse Research Group we developed the information system **Meta-All** for metabolic processes (Weise et al. 2006). Meta-All represents these processes in a resolution not achieved in other systems, and is able

to represent information about metabolic pathways, reaction kinetics, localisation, transport, environmental circumstances and taxonomic relations. It supports the direct export of structural and kinetic models in the standard exchange format SBML by which these can be analysed and simulated with different tools. For barley (*Hordeum vulgare*) as an important model organism in the IPK we have started the **modelling of the primary metabolism** and its representation in Meta-All (B.H. Junker, E. Grafahrend-Belau). This model will help to understand the metabolic processes in developing barley seeds in different levels of detail (structural, kinetic) and to identify targets for metabolic engineering.

Biological processes are typically represented as biological networks and several mathematical methods can support the analysis of network structured data and help to uncover important properties of networks. We focus on patterns (motifs) in networks, the ranking of network elements using centralities (Junker et al. 2006) and the comparison of networks where novel algorithms have been developed. Most prominently in 2006 a new centrality measure was formulated which allows the ranking of network elements based on underlying functional structures and yields interesting results about key regulators in *Escherichia coli* (D. Koschützki, F. Schreiber, H. Schwöbbermeyer). This fundamental research towards new network analysis algorithms will also be of great use for plant sciences when relevant networks are available in the near future. Most of these methods have been implemented in tools such as **Mavisto** (motif analysis and visualisation toolkit; H. Schwöbbermeyer (<http://mavisto.ipk-gatersleben.de>)), **WiDa** (WilmaScope-based distance analysis; V. Ast), and **CentiBiN** (centralities in biological networks; D. Koschützki (<http://centibin.ipk-gatersleben.de>)).

Finally, novel visualisation and exploration methods which support the understanding of complicated networks have been developed. Of particular interest is a new semi-static layout method supporting the interactive exploration and editing of KEGG pathways implemented in **KGML-ED** (Klukas et al. 2006, in press).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Plant Data Warehouse;
Dr. I. Große;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Pattern Recognition; Dr. U. Seiffert, Dr. A. Ihlow,
Dr. M. Strickert;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz, Dr. M. Lange,
S. Weise;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Prof. U. Wobus, Dr. L. Borisjuk, R. Radchuk,
Dr. H. Rolletschek, Dr. N. Sreenivasulu, Dr. W. Weschke;

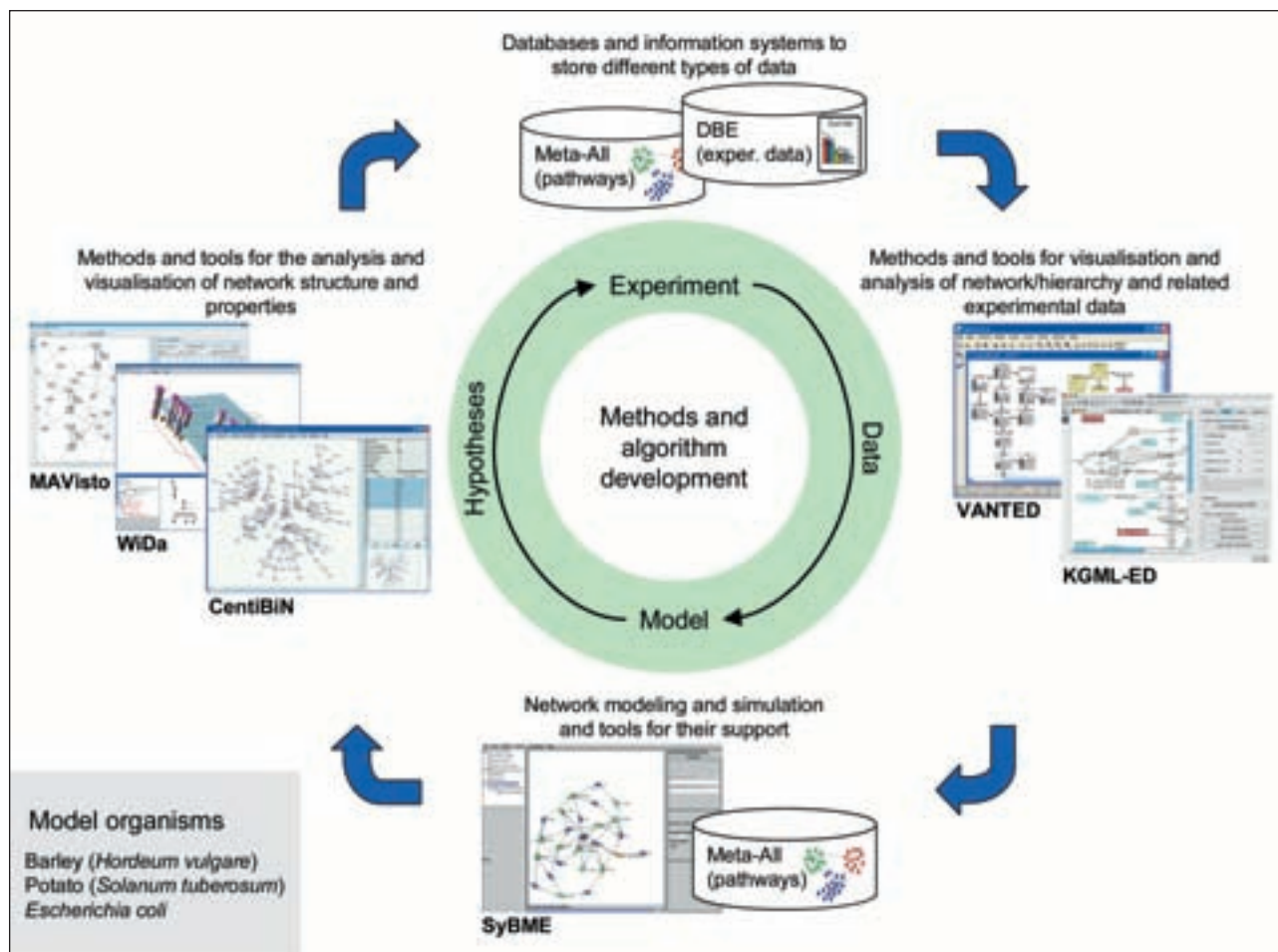


Fig. 34: Focus of the Research Group Network Analysis is the development of methods to support the knowledge discovery process in the life sciences (circle). To enable easy usability of the novel methods and algorithms they are implemented in software systems (outer circle). These methods are currently applied to barley, potato and *E. coli*. See the text for details (F. Schreiber).

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M. Hajirezaei;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock, K. Witzel.

Outside the Institute:

University of Bielefeld, Research Group Bioinformatics/Medical Informatics, Bielefeld; Prof. R. Hofestädt;

University of Passau, Faculty of Mathematics and Informatics, Passau; Prof. F.J. Brandenburg, Dr. C. Bachmaier;

University of Erlangen-Nürnberg, Institute of Biology, Erlangen-Nürnberg; Prof. U. Sonnwald;

Brandenburg University of Technology, Institute for Informatics, Cottbus; Prof. W. Kurth, Prof. M. Heiner;

University of Applied Sciences, Berlin; Prof. I. Koch;

Free University of Berlin, Berlin; Dr. B. Gemeinholzer;

Uniklinikum Göttingen; Dr. A. Potapov;

Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Dept. Metabolic Networks, Golm; Dr. B. Usadel;

Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Bioinformatics, Halle/S.; Prof. S. Posch;

Leibniz Institute of Biochemistry, Halle/S.; Dr. S. Neumann;

University of Konstanz, Faculty of Mathematics and Statistics, Konstanz; Prof. U. Brandes;

Monash University, Melbourne, Australia; Dr. T. Dwyer;

National ICT, Sydney, Australia; Prof. P. Eades, Dr. S. Hong, Dr. K. Xu;

Tehran University, Tehran, Iran; Prof. A. Masoudi Nejad;

Brookhaven National Laboratory, Upton, USA; Dr. B.H. Junker.

Publications

Peer Reviewed Papers

AHMED, A., T. DWYER, M. FORSTER, X. FU, J. HO, S.-H. HONG, D. KOSCHÜTZKI, C. MURAY, N.S. NIKOLOV, R. TAIB, A. TARASSOV & K. XU: GEOMI: GEOMETRY for Maximum Insight. Lect. Notes Comput. Sci. 3843 (2006) 468–479.

DWYER, T., S.-H. HONG, D. KOSCHÜTZKI, F. SCHREIBER & K. XU: Visual analysis of network centralities. Proc. Asia Pacific Symp. Information Visualisation (APVIS 2006), CRPIT 60 (2006) 189–197.

- JUNKER, B.H., C. KLUKAS & F. SCHREIBER: VANTED: a system for advanced data analysis and visualization in the context of biological networks. *BMC Bioinformatics* 7 (2006) 109.
- JUNKER, B.H., D. KOSCHÜTZKI & F. SCHREIBER: Kinetic modelling with the Systems Biology Modelling Environment SyBME. *J. Integr. Bioinf.* (2006) e0018.
- JUNKER, B.H., D. KOSCHÜTZKI & F. SCHREIBER: Exploration of biological network centralities with CentiBiN. *BMC Bioinformatics* 7 (2006) 219.
- JUNKER, B.H., R. WUTTKE, A. NUNES-NESE, D. STEINHAUSER, N. SCHAUER, D. BÜSSIS, L. WILLMITZER & A.R. FERNIE: Enhancing vacuolar sucrose cleavage within the developing potato tuber has only minor effects on metabolism. *Plant Cell Physiol.* 47 (2006) 277–289.
- KLUKAS, C., B.H. JUNKER & F. SCHREIBER: The VANTED software system for transcriptomics, proteomics and metabolomics analysis. *J. Pesticide Sci.* 31 (2006) 289–292.
- KLUKAS, C., F. SCHREIBER & H. SCHWÖBBERMEYER: Coordinated perspectives and enhanced force-directed layout for the analysis of network motifs. *Proc. Asia Pacific Symp. Information Visualisation (APVIS 2006), CRPIT 60 (2006) 39–48.*
- WEISE, S., I. GROSSE, C. KLUKAS, D. KOSCHÜTZKI, U. SCHOLZ, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Meta-All: a system for managing metabolic pathway information. *BMC Bioinformatics* 7 (2006) 465.

Electronic Publications

- KLUKAS, C.: KGML-ED - a graphical KGML pathway editor. <http://kgml-ed.ipk-gatersleben.de/> (2006).
- KLUKAS, C. & F. SCHREIBER: VANTED - visualization and analysis of networks containing experimental data. <http://vanted.ipk-gatersleben.de/> (2006).

Additional Publications of 2005

- JUNKER, B., D. KOSCHÜTZKI & F. SCHREIBER: Kinetic modelling with the Systems Biology Modelling Environment SyBME. In: ARRIGO, P., J. COLLADO-VIDES & R. HOFESTÄDT (Eds.): International Workshop Integrative Bioinformatics: complex metabolic networks, July 4th-5th, 2005, Bielefeld, University, Bielefeld (2005) 49–50.

PhD and Diploma Thesis

- SCHREIBER, F.: Visual analysis of biological networks. (Habilitation Thesis) Universität Passau, Passau (2006).
- AST, V.: Interaktive Visualisierungsverfahren zur Untersuchung netzbasierter Bäume. (Diploma Thesis). Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V3, V123, V124, V125, V126, V127, V128, V206, V207, V208, V209, V210, V211, V212, V213, P26, P54, P55, P74, P83, P84, P176, P216, P223.

Additional Funding

For further information see the survey page 189.

Abteilung Molekulare Zellbiologie/ Department of Molecular Cell Biology

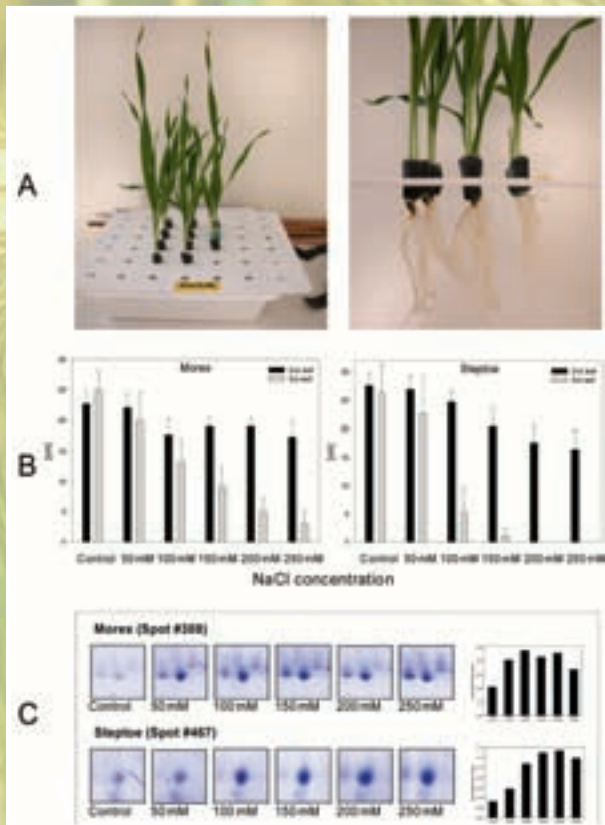


Fig. 35: Verwendung von Kartierungspopulationen bei der Analyse von abiotischen Stressmechanismen (Zusammenarbeit mit A. Börner, Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion). (A) Zur Untersuchung von Faktoren, die zu einer erhöhten Toleranz gegenüber Salzstress führen, werden die Elternlinien der Steptoe/Morex-Kartierungspopulation als hydroponische Kulturen angezogen und das Wurzel- und Blattmaterial für biochemische, molekularbiologische und strukturelle Untersuchungen verwendet. (B) Biometrische Daten von Gerstenpflanzen nach Langzeitsalzstress. Fünf Tage alte Gerstenpflanzen wurden für 13 Tage unter verschiedenen Salzkonzentrationen (50–250 mM NaCl) kultiviert. Dargestellt ist die Länge des zweiten (schwarz) und dritten (grau) Blattes der salztoleranten Linie Morex und der salzsensitiven Linie Steptoe. (C) Differenzielle Proteinexpression unter Salzstress. Nach der Trennung der Proteine mittels 2-D-Gelelektrophorese und der vergleichenden Bildauswertung erfolgte die Identifizierung differenziell exprimierter Proteine mittels LC-ESI-Q-TOF MS. Spot 308 aus Morex wurde nach Suche in der TIGR EST *Hordeum vulgare*-Datenbank als "ATP-dependent Clp protease" aus Tomate (TC131728) und Spot 467 aus Steptoe nach Suche in der NCBI nr *Viridiplantae* Datenbank als "Nucleotide pyrophosphatase phosphodiesterase" aus Gerste (CAE46394.1) identifiziert (K. Witzel, A. Matros, H.-P. Mock).

The genetic analysis of abiotic stress mechanisms. (A) The parental lines of the Steptoe/Morex barley mapping population were used to investigate the determinants of salt tolerance. Leaf and root tissue of hydroponic cultured plants were subjected to biochemical, molecular and structural analysis. (B) Behaviour of barley plants following long-term salt stress. Five-day old plants were grown for 13 days under 50–250 mM NaCl. Data are illustrated for the second (black bars) and third (grey bars) leaves from the salt tolerant line Morex and the salt sensitive line Steptoe. (C) Differential protein expression induced by salt stress. Protein extracts were separated using 2-D gel electrophoresis and after comparative image analysis, those displaying differential abundance were identified via LC-ESI-Q-TOF MS. Spot 308 from Morex is homologous to an ATP-dependent Clp protease from tomato (TC131728), while spot 467 from Steptoe was identified as a barley nucleotide pyrophosphatase phosphodiesterase (K. Witzel, A. Matros, H.-P. Mock).

Abteilung Molekulare Zellbiologie

Leiter: Prof. Dr. Gotthard Kunze
(kommissarisch)

Allgemeine Forschungsziele

Die derzeitigen Forschungsarbeiten der Abteilung Molekulare Zellbiologie konzentrieren sich auf die Themenkomplexe Molekulare Pflanzenbiochemie und -physiologie. Dies beinhaltet Studien in folgenden Bereichen:

- Untersuchungen zur photosynthetischen Bindung von anorganischem Kohlenstoff und dessen Nutzung für die Bildung von nieder- und hochmolekularen Stoffwechselprodukten des Primär- und Sekundärmetabolismus,
- Beeinflussung pflanzlicher Reaktionen auf biotische und abiotische Umwelteinflüsse,
- Untersuchung und Beeinflussung reproduktionsbiologischer Prozesse,
- Analyse regulatorischer Netzwerke zur Koordination simultan ablaufender Stoffwechselprozesse.

Auf der Basis der Ergebnisse werden Verfahren zur biotechnologischen Erzeugung und Erfassung wertvoller zellulärer Inhaltsstoffe und Ansätze zur Herstellung von Nutzpflanzen mit verbesserten agronomischen Eigenschaften entwickelt (molecular engineering, molecular farming). Darüber hinaus wurden in den letzten Jahren Methoden der Metabolit- und Proteomanalytik etabliert und für die moderne Pflanzenzüchtung bereitgestellt (metabolic profiling). Neben pflanzlichen Zellkulturen und transgenen Pflanzen werden Hefen als zelluläre Expressionssysteme zur Aufklärung der molekularen Grundlagen spezifischer StoffwechsellLeistungen, Resistenzen und Mechanismen, die bei der Stressregulation essenziell sind, genutzt bzw. als Biosensoren zur Erfassung biologisch wirksamer Substanzen und Mykorrhiza:Pflanzen-Interaktionen eingesetzt.

Zusätzlich wurde in der Abteilung damit begonnen, eine arbeitsgruppenübergreifende Plattform für die molekulare Analyse der Salztoleranz von Gersten-Akzessionen zu etablieren. Hierbei werden die in der Abteilung entwickelten Technologien für die molekulare, biochemische und strukturelle Analyse auf Gerste übertragen. Dabei ist vorgesehen, diese Methoden mit anderen am IPK etablierten Techniken wie Transkriptprofilierung und QTL-Analysen zu kombinieren. Die Plattform soll dazu beitragen, die systembiologischen Ansätze zur Bearbeitung der Nutzpflanze Gerste auszubauen (s. Fig. 35, S. 106).

Department of Molecular Cell Biology

Head: Prof. Gotthard Kunze
(temporary)

Research Goals

The current research of the department focuses on basic aspects of molecular plant biochemistry and physiology, featuring photosynthetic carbon fixation and its exploitation for the synthesis of compounds of primary and secondary metabolism; the regulation of plant metabolism by biotic and abiotic environmental stimuli; the regulation of reproductive processes; and regulatory networks acting to integrate simultaneously functioning metabolic pathways.

We are seeking to develop strategies for the determination and biotechnological production of valuable compounds in plants (Molecular Engineering, Molecular Farming) and the optimising of the performance of crop plants. Furthermore, tools for the analysis of metabolic and proteomic data are developed and applied to aspects of modern plant breeding (Metabolic Profiling). In addition to the use of plant cell cultures and transgenic plants, yeast cellular expression systems have been established to elucidate the molecular mechanisms of specific metabolic pathways, resistances and stress regulation. Other applications include their use as biosensors to identify biologically active compounds, and the analysis of mycorrhiza-plant interactions.

The intergroup research project "Molecular analysis of salt tolerance in barley" was initiated to transfer to barley molecular biological, biochemical and structural analysis techniques developed in other research groups within the department. These will include transcript profiling and QTL analysis, as practised in other IPK departments (see Fig. 35, p. 106).

Developments during 2006

The department suffered the loss of its head and the closure of two Research Groups (Molecular Networks and Molecular Developmental Physiology) during 2006. The research programmes studying the regulation of primary and secondary metabolism, plant reproductive biology, cellular expression systems and structural cell biology have, however, been maintained. After the completion of "Friedrich-Miescher-Haus", a relocation exercise impaired the work of the department early in the year, but research outputs were similar to those recorded in 2005.

The major foci of the Molecular Plant Physiology Research Group were in cell-to-cell communication, the interaction

Entwicklung im Berichtsjahr

Im Berichtsjahr gab es keine wesentlichen strukturellen Änderungen. Durch die noch immer nicht erfolgte Wiederbesetzung der Stelle des Abteilungsleiters wurden die beiden im letzten Jahr geschlossenen Arbeitsgruppen Molekulare Netzwerke und Molekulare Entwicklungsphysiologie nicht wiederbesetzt. Die bereits im Vorjahr etablierten Schwerpunkte Regulation des Primär- und Sekundärstoffwechsels, pflanzliche Reproduktionsbiologie, zelluläre Expressionssysteme und strukturelle Zellbiologie wurden aufrechterhalten.

Durch den nach Abschluss der Umbaumaßnahmen erfolgten Umzug aller Arbeitsgruppen in das sanierte Friedrich-Miescher-Haus kam es innerhalb der Abteilung im ersten Quartal zu erschwerten Arbeitsbedingungen. Trotz dieser Einschränkungen und der verringerten Personalstärke war die Publikationsleistung der Abteilung, gemessen an eingeladenen Vorträgen (20), erschienenen Artikeln (27) und Patentanmeldungen (2), ebenso hoch wie im Vorjahr. So konnten im Berichtszeitraum Fortschritte in den verschiedenen Forschungsschwerpunkten erzielt werden, von denen einige im Folgenden hervorgehoben sind.

Die Forschungsschwerpunkte der Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie liegen im Bereich der Zell/Zell-Kommunikation bzw. der Interaktion zwischen Primär- und Sekundärstoffwechsel als Antwort auf unterschiedliche Umwelteinflüsse. Zur Umsetzung dieser Fragestellung werden analytische Verfahren zur Kohlenhydrat-, Aminosäure- und Photosynthesemessung optimiert, die ESI-MS/MS-basierende Proteinidentifizierung etabliert, Promotoren isoliert und Transformationssysteme sowie cDNA-Banken bereitgestellt. Um die Funktion ratenbestimmender Reaktionen aufzuklären, wurden u. a. Kartoffelpflanzen mit reduzierter Aktivität von zytosolischer Glycerinaldehyd-3-Phosphatdehydrogenase (GAPC) hergestellt. Weder die Pflanzen noch die Knollen zeigten phänotypische Veränderungen. Der Gehalt von 3-Phosphoglycerat (3PGA) war jedoch in den Blättern reduziert. Eine detaillierte Analyse der Metabolitengehalte in den Knollen ergab eine Zunahme an UDP-Glucose und Saccharose und eine Abnahme an 3PGA und Phosphoenolpyruvat. Die Reduzierung der GAPC-Aktivität hatte keinen Einfluss auf die Akkumulation von löslichen Zuckern bei niedrigen Temperaturen. Aus den gewonnenen Ergebnissen konnte die Schlussfolgerung gezogen werden, dass die GAPC keine entscheidende Rolle bei der Regulation des Zuckerstoffwechsels in Kartoffelknollen unter normalen Bedingungen spielt.

In der Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie wurden die Funktionen eines stressinduzierten Proteins untersucht. Transgene Tabakpflanzen mit RNAi-Konstrukten zeigten im Vergleich zu Kontrollpflanzen ein reduziertes Wachstum nach Kältebehandlung. Außerdem wurden Expressionsanalysen durchgeführt, z. B. mit GUS-Konstrukten. Weitere Arbeiten dienen der Identifizierung von möglichen Interakti-

between the primary and secondary metabolism, and the regulation of plant responses to environmental challenge. A number of plant promoters have been isolated, transformation systems established and cDNA libraries constructed. A suite of analytical tools required for metabolite and protein detection and the measurement of photosynthetic parameters has been established, including LC-ESI-MS/MS, IC-MS, and a number of additional HPLC- and photometry-based detection systems. For example the elucidation of the rate limiting steps within the primary metabolism was carried out to evaluate whether cytosolic phosphorylating glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPC) was a key enzyme in potato carbohydrate metabolism. The cytosolic isoform of phosphorylating GAPC was cloned and used in an antisense manner to generate transgenic potato plants in which GAPDH activity was constitutively decreased. Such lines exhibited no major changes in either whole plant or tuber morphology. However, the levels of 3-phosphoglycerate were decreased in leaves of the transformants. A metabolic phenotyping of tubers derived from the transformants revealed an increase in sucrose and UDPglucose content, and a decrease in the glycolytic intermediates 3-phosphoglycerate and phosphoenolpyruvate but little change to the levels of other metabolites. Moreover, the transformants displayed no differences in cold sweetening with respect to the wild type. Taken together these data suggest that phosphorylating GAPC does not play a decisive role in the regulation of potato metabolism under normal conditions.

The Applied Biochemistry Group analysed the function of STINT, a stress-induced protein. Transgenic tobacco lines harbouring STINT RNAi constructs grew less well than did wild type plants under cold stress. Moreover, expression studies were performed using GUS constructs. Putative interaction partners and the subcellular localisation of STINT were identified. Techniques to detect changes in the phosphoproteome were evaluated and an affinity enrichment based on metal oxide matrix allowed to refine the analysis of the cold stress responses of *Arabidopsis* plants. Metabolic profiling using HPLC-MS was employed to identify cold stress induced phenylpropanoids. A comprehensive analysis of the phenylpropanoid content of tomato, oranges and maize seed was performed in the context of an EU project, the aim of which was to establish correlations between the presence of flavonoid compounds, in particular anthocyanins, and beneficial effects on human health. The proteomic analysis of barley seeds was expanded to identify a number of differentially expressed proteins in collaboration with the Network Analysis Group (Molecular Genetics Department).

The use of yeasts as model organisms for the analysis of osmo-resistance and as cellular expression systems to elucidate the molecular basis of specific pathways, resistances and stress regulation mechanisms have been addressed by the Yeast Genetics Group. For this purpose several unusual yeasts are required, for which a so-called "wide range yeast vector system" has been established and patented. This sys-

onspartnern und der subzellulären Lokalisierung des Proteins. Für die Analyse von Kältestress-Antworten wurden Techniken für die Phosphoproteomanalyse eingeführt. Parallel zu den proteinbiochemischen Arbeiten wurden Metabolitbestimmungen per HPLC-MS durchgeführt, um Kältestressinduzierte Phenylpropanoide zu detektieren. Umfangreiche Analysen der Phenylpropane wurden im Rahmen eines EU-Projektes an Tomate, Orange und Mais durchgeführt. Ziel des Projekts ist es, Korrelationen von Inhaltsstoffen mit möglichen protektiven, gesundheitsfördernden Wirkungen aufzudecken; im Vordergrund steht dabei gegenwärtig die Gruppe der Anthocyane. Die Proteomanalyse von Gerstensamen wurde weitergeführt; Schwerpunkt der Arbeiten war die weitere Identifizierung differenziell exprimierter Proteine sowie die Visualisierung der Proteomdaten in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse (Abteilung Molekulare Genetik).

Die Nutzung von Hefen als Modellorganismus zur Analyse der Osmotoleranz und als zelluläre Expressionssysteme zur Aufklärung der molekularen Grundlagen spezifischer Stoffwechselleistungen, Resistenzen und Mechanismen, die bei der Stressregulation essenziell sind (z. B. Osmotoleranz, Thermotoleranz, Dimorphismus), stehen im Mittelpunkt der Arbeiten in der Arbeitsgruppe Hefegenetik. Dazu werden bevorzugt nicht-konventionelle Hefen genutzt, für die ein sog. "wide range"-Vektorsystem entwickelt und patentiert wurde, das stabile "high copy"-Integrationen von Expressionskassetten in die chromosomale Hefe-DNA ermöglicht. Die daraus resultierenden Transformanten weisen eine außerordentlich hohe Expressionsstärke auf, die die Eignung dieses Systems für biotechnologische Anwendungen unterstreicht.

Im Biosensorklabor der Arbeitsgruppe Hefegenetik wurden DNA-Sensoren entwickelt, mit denen sich sowohl die Interaktion zwischen Pflanzen und arbuskulärer Mykorrhiza als auch die taxonomische Klassifizierung dieser Mykorrhizapilze bestimmen lässt. Dazu wurden gattungs-, art- und stammspezifische Oligonukleotide eingesetzt, mit denen sich selbst kommerzielle Produktionsstämme von sog. autochthonen Mykorrhizastämmen unterscheiden lassen.

In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse (Abteilung Cytogenetik) haben Mitarbeiter der Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie ein Gateway®-kompatibles Set von Plasmiden entwickelt, das eine sehr effiziente Klonierung von Binärvektoren für die stabile Überexpression bzw. RNAi-basierte Abregulierung von Kandidatengenen in Getreide ermöglicht. Diese umfangreiche Kollektion generischer Vektoren umfasst Versionen mit fünf verschiedenen, in Getreidearten aktiven Promotoren und gestattet darüber hinaus die einfache Kombination mit beliebigen weiteren Promotoren. Sowohl die Überexpressionsvektoren als auch die RNAi-Versionen wurden anhand unterschiedlicher Ansätze erfolgreich zur transienten und stabilen Expression in Gerste getestet. Dieses Vektorset stellt eine außerordentlich wertvolle technische

tem permits the stable integration of high copy expression cassettes in the genomic DNA of yeast, and the resulting transformants typically exhibit very high expression levels.

In the biosensor laboratory of the Yeast Genetics Group, DNA sensors have been developed based on piezocrystals. These have been used to analyse the interactions between arbuscular mycorrhiza and plants, as well as for the taxonomic classification of mycorrhiza.

In collaboration with the Transcriptome Analysis Group (Cytogenetics), members of the Plant Reproductive Biology Group have generated a versatile set of Department Gateway®-compatible binary destination vectors designed to stably over-express the hairpin RNA-triggered knock-down of candidate genes in cereals. This collection of generic vectors comprises versions with five different constitutive or specific promoters active in the cereals. Both vector series (over-expression and RNAi) have been functionally tested in diverse transient as well as stable expression studies in barley. The vector set constitutes a valuable basis for functional gene analysis and the genetic engineering of cereals.

As a universal tool in plant research and biotechnology, pollen embryogenesis is not only routinely and exclusively employed in the Plant Reproductive Biology Group to directly produce homozygous transgenic barley lines. Due to the simplified segregation of the nuclear genetic information in populations of doubled haploids, it has also become useful for the elimination of selectable marker genes, as well as for the combination of different transgenes in instant homozygous multi-transgenic plant lines. Protocols for the efficient production of pollen-derived doubled haploid wheat and tobacco have recently been developed, and some preliminary success has also been obtained in pea and potato.

As a part of a joint-project with the Molecular Biology and Agriculture Division of the Bhabha Atomic Research Centre in India, the Structural Cell Biology Group investigated the molecular architecture of the apparatus of DNA recombination with a focus on DNA-protein interactions, using the rice homologous recombination proteins OsRad51 and OsDmc1. In the presence of ATP, OsDmc1 mediates homology dependent strand exchange activity. OsDmc1-DNA complexes were investigated using transmission electron microscopy and negative staining. A preliminary electron microscopical analysis showed that OsRad51 and RecA formed helical filaments on single- and double-stranded DNA irrespective of the presence of ATP, while OsDmc1 formed ring-like structures. This is the first time that complexes of DNA with plant recombinases have been visualised by electron microscopy.

In addition to the collaborations described above, the department operates a core facility for electron and light microscopic studies (Structural Cell Biology Research Group) and proteomic analyses (Applied Biochemistry Research

Grundlage für zukünftige funktionelle Analysen von Kandidatengen und biotechnologische Ansätze in Getreide dar.

Die Pollenembryogenese ist ein in Pflanzenforschung und Biotechnologie vielseitig einsetzbares entwicklungsbiologisches Phänomen. In der Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie wird sie beispielsweise exklusiv und routinemäßig zur unmittelbaren Herstellung reinerbig transgener Gerstenlinien verwendet. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, dass die Anwendung der Pollenembryogenese aufgrund der vereinfachten Segregation der nukleären Erbinformation in Populationen doppelhaploider Linien auch außerordentlich gut geeignet ist, um selektionsmarkerfreie, reinerbig transgene Linien herzustellen oder verschiedene rekombinante Gensequenzen in reinerbig multi-transgenen Linien zu kombinieren. Des Weiteren wurden in der Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie Protokolle zur effizienten Herstellung haploider und doppelhaploider Tabak- und Weizenlinien entwickelt, und erstmalig auch bei Erbse und Kartoffel eine Pollenembryogenese in Kulturen isolierter Mikrosporen erzielt.

Im Rahmen eines gemeinsamen Projektes mit der Molecular Biology and Agriculture Division des Bhabha Atomic Research Centre in Indien wurden in der Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie Untersuchungen zur molekularen Architektur der DNA-Rekombination durchgeführt. Im Mittelpunkt standen hierbei DNA-Protein-Interaktionen der homologen Rekombinationsproteine Rad51 und Dmc1 aus Reis. Die Anwesenheit von ATP führt durch den Mediator OsDmc1 zum homologen Strangaustausch. Die Analyse der OsDmc1-DNA-Komplexe am Transmissionselektronenmikroskop wurde nach Negativkontrastierung durchgeführt. Die Ab- und Anwesenheit von ATP führt mit OsRad51 und RecA mit einzel- sowie doppelsträngiger DNA zur Bildung helikaler Filamente, während OsDmc1 die Bildung von Ringstrukturen verursacht. Somit konnte zum ersten Mal die Bildung von DNA-Rekombinase-Komplexen durch Elektronenmikroskopie visualisiert werden.

Neben einer zentralen Einrichtung für Licht- und Elektronenmikroskopie (Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie) verfügt die Abteilung über eine Serviceeinrichtung für Proteomanalysen (Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie). Darüber hinaus werden von den Arbeitsgruppen Pflanzliche Reproduktionsbiologie, Molekulare Pflanzenphysiologie und Hefegenetik effiziente Transformationssysteme für Getreide, Körnerleguminosen, Nachtschattengewächse (Solanaceae) und Hefen zur Verfügung gestellt.

Gotthard Kunze, Januar 2007

Group). Efficient transformation systems are provided for crop, solanaceous (nightshade family) and various yeast species in the Plant Reproductive Biology, Molecular Plant Physiology and Yeast Genetics Research Groups.

Gotthard Kunze, January 2007

Research Group: Molecular Plant Physiology

Head: Dr. Mohammad R. Hajirezaei
(temporary)

Scientists

IPK financed

Akhami, Amirhossein (Annex, since 15.09.2006)

Grant Positions

Kronberg, Kristin (BMBF, till 31.03.2006)

Liu, Luo (D1010124, till 31.03.2006)

Visiting Scientists

Biemelt, Sophia, Dr. (IPK)

Börnke, Frederik, Dr. (IPK, till 31.03.2006)

Müntz, Klaus, Prof. (self-financed)

Pawlowski, Katharina, Dr. (University Stockholm, 08.05.–19.05.2006)

Peisker, Martin, Dr. (self-financed, till 30.10.2006)

Rossner, Kristin (Humboldt-University, 18.04.–28.04.2006 and 08.05.–26.05.2006)

Sonnewald, Uwe, Prof. (IPK)

Scholars

Zurbriggen, Matias (scholarship DAAD/IAESTE, since 03.07.2006)

Goals

This group's research centers on basic aspects of molecular plant biochemistry and physiology. This includes photosynthetic carbon fixation and its use for the **synthesis of low and high molecular weight compounds of primary metabolism**; an investigation of the identity of the rate-limiting steps within **carbohydrate metabolism**; and the regulation of plant metabolism by environmental stimuli, both **biotic and abiotic**. The overall aim is to contribute towards the improvement of biotechnological strategies for the production of valuable compounds in plants (Molecular Engineering, Molecular Farming) and to optimise the agronomic performance of crop plants. In addition, we are developing analytical tools to help in the interpretation of metabolomic data (Metabolic Profiling).

Research Report

The major current foci of the Molecular Plant Physiology (MPP) Research Group include photo-assimilate partitioning

within the **primary metabolism**, and the regulation of plant responses to environmental challenges. We have established a number of analytical methods for metabolite detection and for the measurement of various photosynthetic parameters. These include IC-MS, and several additional HPLC- and photometry-based detection systems.

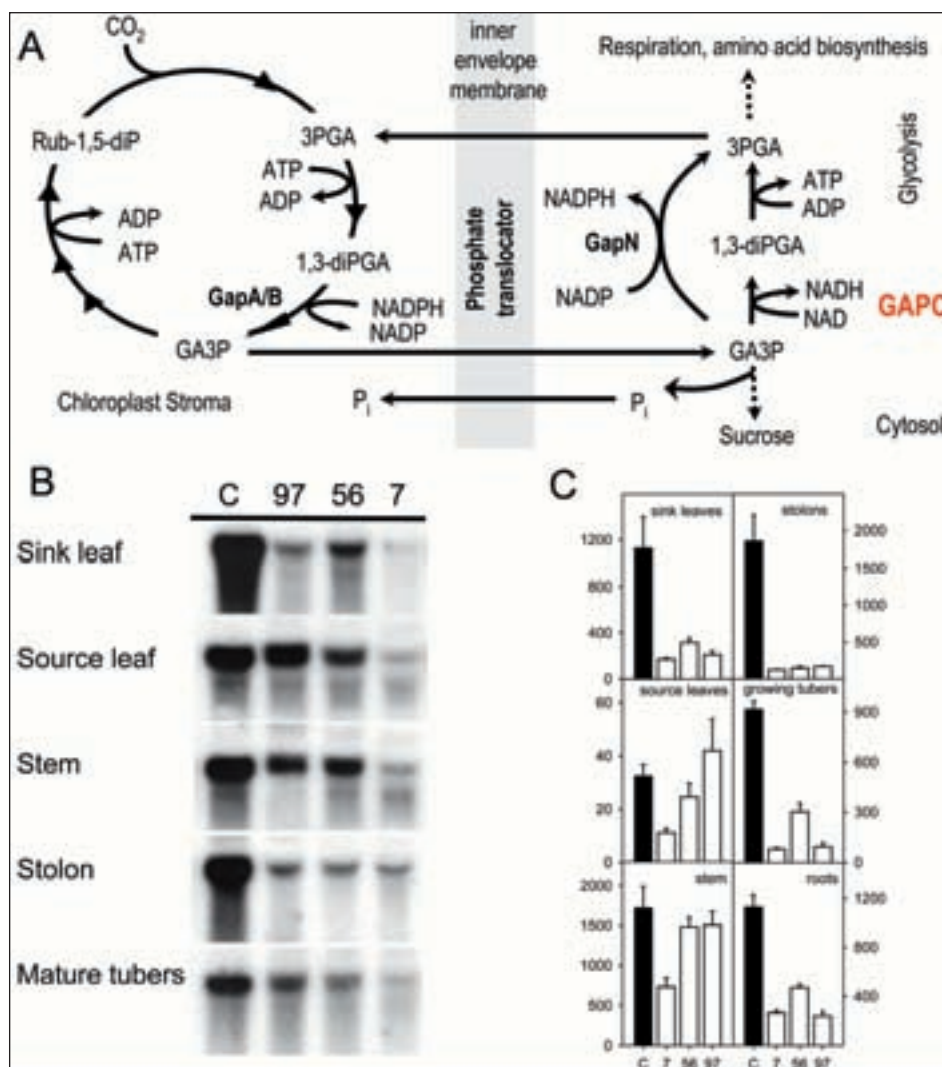
The elucidation of the rate limiting steps within the primary metabolism is aimed at the identification of the key primary metabolism enzymes, and the exploitation of substrate channeling to increase the amount of end product (M.R. Hajirezaei). To instance, the cytosolic isoform of phosphorylating glyceraldehyde dehydrogenase (GAPC) has been cloned in order to use antisense technology to constitutively decrease GAPDH activity in the potato. Potato lines having a decreased activity of phosphorylating GAPC exhibited no major changes in either whole plant or tuber morphology, suggesting that **phosphorylating GAPC** does not play a major role in the regulation of potato metabolism under standard conditions (see Fig. 36, p. 112).

In an investigation of the molecular and physiological events during **adventitious root development of *Petunia***, various developmental stages of the root formation in cuttings are to be cytologically (in cooperation with Institute of Vegetable and Ornamental Crops (IGZ) in Erfurt, U. Drüge) and biochemically characterised. A specific cDNA library will be prepared from the cutting ends at which new roots are formed. To improve rooting behaviour, transgenic plants will be created and analysed using molecular and biochemical tools (A.H. Ahkami, M.R. Hajirezaei).

The expression of a **bacterial flavodoxin** in either the plastids or in the cytosol of potato and tomato is aimed at enhancing plant tolerance of biotic and abiotic stress. Transgenic potato and tomato plants have been pre-screened for flavodoxin expression by Western blot analysis. Selected plants have been cultured on selection media and tested for homogeneity.

An approach using transgenic *A. thaliana* plants expressing the potato leaf-roll virus movement protein PLRV-MP17 has been developed to identify the components involved in the cell-to-cell or long distance transport of assimilates and macromolecules. MP17 binds plasmodesmata and alters the assimilate allocation in transgenic tobacco plants. Thus its presence is associated with an impairment in plant growth. Based on this phenotype, ten suppressor mutants have been isolated from an EMS-mutagenised MP17 expressing *A. thaliana* population. These mutants show a reversion of the MP17-mediated growth phenotype, exhibiting wild type-like growth. A detailed analysis has revealed that the MP17-induced carbohydrate accumulation of soluble sugars and starch is abolished in these lines. The suppressor mutants identified could be grouped into four categories (K. Kronberg).

Fig. 36: The involvement of cytosolic glyceraldehyde dehydrogenase (GAPC) in carbohydrate metabolism. (A) A schematic distribution of various GAPC isoforms in plant metabolism, (B) Tissue-specific expression of GAPC in potato plants and (C) GAPC activity (nmol mg protein⁻¹ min⁻¹) in various potato tissues. The untransformed control (C) is indicated by a filled bar, and transgenic lines as open bars (mean ± SE estimated from four independent replicates). Lines 97, 56 and 7 are independent transgenics. An asterisk denotes values determined to be highly significant by the t-test ($p < 0.02$) (M.R. Hajirezaei).



Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group *In vitro*-Storage and Cryopreservation; Dr. J. Keller;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Transcriptome Analysis; Dr. P. Schweizer;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. H. Rolletschek;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Network Analysis; Dr. F. Schreiber;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlehn;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Yeast Genetics; Prof. G. Kunze.

Outside the Institute:

Friedrich Alexander University of Erlangen-Nürnberg, Department of Biochemistry, Erlangen; Prof. U. Sonnewald, Dr. R. Börnke;
 Friedrich Alexander University of Erlangen-Nürnberg, Department of Molecular Plant Physiology, Erlangen; Prof. N. Sauer;
 University of Kaiserslautern, Department of Plant Physiology, Kaiserslautern; Prof. E. Neuhaus, Dr. T. Möhlmann, M. Flörchinger, Dr. T. Tjaden;
 Institute of Vegetable and Ornamental Crops (IGZ), Erfurt; Dr. U. Drüge;
 Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR, CONICET), División Biología Molecular, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina; Prof. N. Carrillo.

Publications*Peer Reviewed Papers*

- HAJIREZAEI, M.-R., S. BIEMELT, M. PEISKER, A. LYTOVCHENKO, A.R. FERNIE & U. SONNEWALD: The influence of cytosolic phosphorylating glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (GAPC) on potato tuber metabolism. *J. Exp. Bot.* 57 (2006) 2363–2377.
- LUNN, J.E., R. FEIL, J.H.M. HENDRIKS, Y. GIBON, R. MORCUENDE, D. OSUNA, W.R. SCHEIBLE, P. CARILLO, M.R. HAJIREZAEI & M. STITT: Sugar-induced increases in trehalose 6-phosphate are correlated with redox activation of ADPglucose pyrophosphorylase and higher rates of starch synthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Biochem. J.* 397 (2006) 139–148.
- SCHNEIDER, S., A. SCHNEIDEREIT, K.R. KONRAD, M.-R. HAJIREZAEI, M. GRAMANN, R. HEDRICH & N. SAUER: *Arabidopsis* INOSITOL TRANSPORTER4 mediates high-affinity H⁺ symport of myoinositol across the plasma membrane. *Plant Physiol.* 141 (2006) 565–577.
- TOGNETTI, V.B., J.F. PALATNIK, M.F. FILLAT, M. MELZER, M.-R. HAJIREZAEI, E.M. VALLE & N. CARRILLO: Functional replacement of ferredoxin by a cyanobacterial flavodoxin in tobacco confers broad-range stress tolerance. *Plant Cell* 18 (2006) 2035–2050.

Lectures, Posters and Abstracts

V92, V93, V94, P4, P38.

Additional Funding

For further information see the survey page 189.

Research Group: Applied Biochemistry

Head: Dr. Hans-Peter Mock

Scientists

IPK financed

Amme, Steffen (Annex, till 31.03.2006)

Döll, Stefanie (Annex, since 01.09.2006)

Matros, Andrea, Dr. (P)

Grant Positions

Amme, Steffen (BMBF, 01.04.–31.12.2006)

Peterek, Silke, Dr. (EU)

Witzel, Katja (BMBF)

Visiting Scientists

Capanoglu, Esra (DAAD, since 10.12.2006)

Metzner, Ernst (University Halle-Wittenberg/LSA)

Scholars

Capdesuner, Yanelis (InWEnt, 13.03.–15.09.2006)

Disan, Gunbilig, Dr. (scholarship DAAD-Leibniz, till 30.06.2006)

Goals

The group investigates the secondary metabolism in plants with respect to protective functions against abiotic and biotic stress, and also their potential benefits to the human diet. A number of plant systems are under study, with the ultimate goal of gaining improved insights into the regula-

tory programs and mechanisms of substrate allocation into the various branches of the secondary metabolism. Much of this research is facilitated by proteomic analysis, along with HPLC- and HPLC-MS based profiling of secondary compounds.

Research Report

The ongoing analysis of the *Arabidopsis thaliana* proteome induced by the imposition of **cold stress** has been extended by an analysis of phosphorylation events, which represent a major regulatory aspect of plant responses (A. Matros, T. Poblenz). The enrichment of phosphorylated proteins is achieved by affinity chromatography on an aluminium hydroxide resin, followed by one- or two-dimensional electrophoresis. The phosphorylation status of the specific proteins is confirmed by a phosphoprotein stain (see Fig. 37), and a number of **phosphorylation events** during the early and later phases of the **cold stress response** have already been identified in this way. Phosphorylation sites are currently determined by LC-MS/MS.

Complementary to the proteomic approach, a **metabolic analysis of cold-stressed plants** is applied. Several cold-responsive phenylpropanoids have been detected and provisionally identified (S. Peterek, S. Amme, S. Döll, A. Matros). Phenylpropanoid profiling has been transferred from an HPLC to a fast UPLC system, and full phenylpropanoid profiles can now be obtained in a much reduced time. Taking advantage of this increased screening efficiency, individuals showing a normal phenylpropanoid composition under control conditions, but not displaying any increase in specific metabolites in response to imposed cold stress, were selected from a mutagenised *A. thaliana* population (S. Peterek, S. Döll). The evaluation of the large HPLC datasets generated from this screening method was considerably

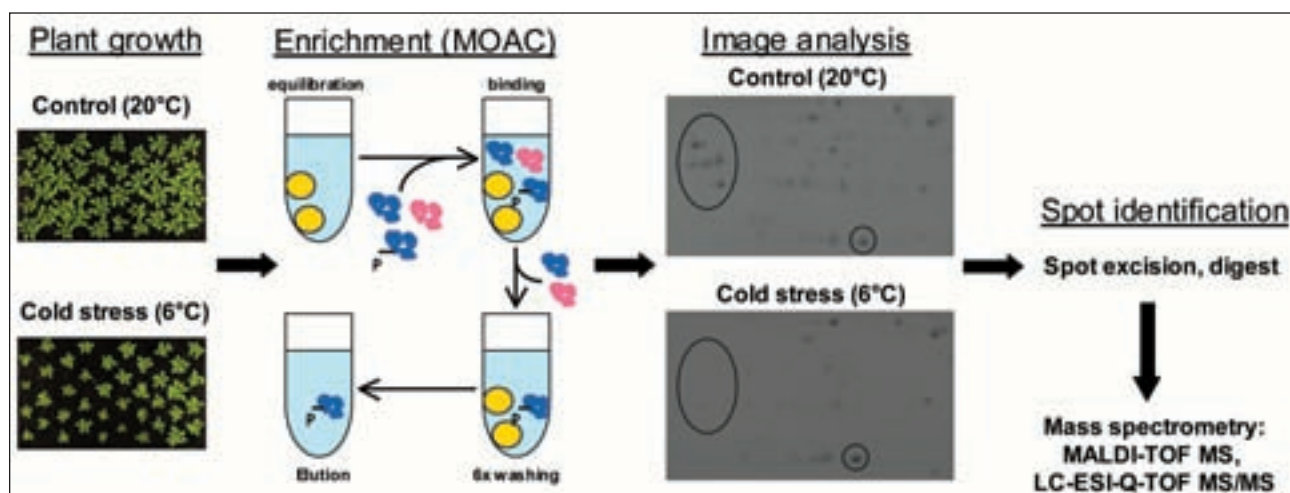


Fig. 37: Flow chart for phosphoprotein analysis after separation by MOAC (metal hydroxide affinity chromatography). Proteins were extracted from *A. thaliana* plants grown under various temperature regimes. Equal amounts of protein from control (non-stressed) and cold stressed plants were enriched for phosphoproteins by MOAC using $\text{Al}(\text{OH})_3$. The eluted proteins were then separated by 2-D gel electrophoresis, and visualized by fluorescence staining. Image analysis revealed protein spots of higher as well as lower abundance induced by the cold stress (some of these are illustrated in the enlarged gel image). Selected protein spots were identified by MALDI-TOF and LC-ESI-Q-TOF MS (T. Poblenz, A. Matros, H.-P. Mock).

improved by a software tool developed in the pattern recognition group (S. Döll, S. Peterek in collaboration with T. Czauderna and U. Seiffert).

The characterisation of tobacco varieties showing contrasting **trichome morphology and phytochemistry** has been continued (S. Amme, collaboration with T. Rutten, Structural Cell Biology). HPLC-MS profiling has been used to demonstrate variation between eight selected *N. tabacum* accessions, and also between trichome preparations and the corresponding leaves of all the accessions. Components showing major differences in abundance have been annotated. The trichome cDNA library deposited in CREST has been enlarged, and we have detected the presence of proteins previously restricted to leaf exudate (collaboration with U. Scholz). The promoter of a **trichome-enriched protein** named **STINT**, identified on the basis of its homology with a stress induced protein of *A. thaliana*, has been isolated, and GFP and GUS constructs have been generated to study its tissue-specific expression and sub-cellular localisation (C. Hedtmann). RNAi-transformed tobacco plants have been created in order to functionally characterise STINT, and several such transgenic lines are currently being studied under both stressed and non-stressed conditions (see Fig. 38).

The **proteomic analysis of barley seeds** has continued as part of the GABI-SEED II project (coordinator: Prof. U. Wobus; collaboration with W. Weschke, U. Seiffert, F. Schreiber). The seed protein composition of cv. Brenda, one of the parental lines of a mapping population, has been compared with that of all introgression lines using 2-D gel electrophoresis, and 1500 protein spots which varied in their abundance have been excised from the gels, and analysed by mass spectrometry. Protein abundance was mapped to metabolic pathways using VANTED software (K. Witzel, A. Matros, collaboration with F. Schreiber and C. Klukas).

A novel project has been initiated to monitor changes in the **epidermal proteome of barley** following its inoculation with powdery mildew (E. Metzner, collaboration with P. Schweizer and W. Knogge). These are to be studied at several time periods post inoculation. As a complement to the proteomic analysis, transcript profiling of the same set of plant materials will be performed in P. Schweizer's laboratory to generate a comprehensive view of the cellular responses occurring during the plant pathogen interaction.

As part of the EU FLORA project exploring the **potential beneficial health effects of the flavonoids**, the group is responsible for the phytochemical characterisation of plant material. Transgenic *A. thaliana* lines, designed to show a modification in the expression of certain transcription factors, have been grown under a number of environmental conditions (provided by a partner laboratory) and have been analysed by HPLC-MS. In addition, maize seeds harvested from materials engineered to give ectopic expression of a transcription factor have been profiled, especially

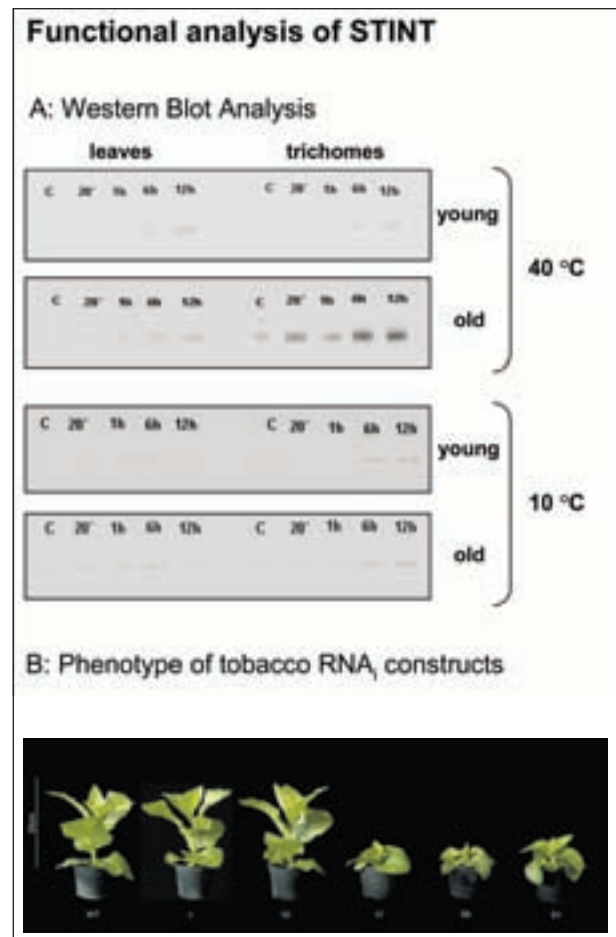


Fig. 38: Functional analysis of STINT, a tobacco stress inducible protein. A: Western blot analysis reveals that heat and cold stress induce the accumulation of STINT in tobacco leaves and isolated trichomes. B: RNAi-based functional characterization of tobacco STINT: reduced growth under cold stress was observed for lines 17, 59 and 61, in comparison to control lines 1 and 10 and the non-transformed wild type (S. Amme, C. Hedtmann).

with respect to their phenylpropanoid and anthocyanin levels. Their phytochemical composition will be correlated with mouse feeding study outputs (S. Peterek, A. Matros).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and Reproduction; Dr. A. Börner;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Pattern Recognition; Dr. U. Seiffert;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. W. Weschke, Dr. H. Rolletschek;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumllein;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Phytoantibodies; Dr. U. Conrad;
Dept. of Molecular Genetics, Research Group Net Work Analysis; Dr. F. Schreiber;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M. Hajirezaei;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. T. Rutten;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Yeast Genetics; Prof. G. Kunze.

Outside the Institute:

University of Cottbus, Dept. Computer Science, Practical Computer Science/Graphics Systems, Cottbus;
Dr. G. Buck-Sorlin;
Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Institute of Agronomy and Crop Science, Halle/S.;
Prof. W. Diepenbrock;
Georg August University of Göttingen, Institute of Botany, Göttingen; Prof. I. Feußner;
University of Cologne, Institute of Botany, Cologne;
Prof. U.I. Flügge;
Friedrich Alexander University of Erlangen-Nürnberg, Department of Biochemistry, Erlangen;
Prof. U. Sonnewald;
Institute of Biochemical Plant Pathology (BIOP), GSF Neuherberg; Dr. W. Heller;
University of Kiel; Institute of Botany, Kiel;
Prof. K. Krupinska;
Sperimentale per l'Agricoltura, Catania, Italy;
Dr. G. Reforgiato;
John Innes Centre, Norwich, UK; Dr. C. Martin;
Plant Research International, Wageningen, The Netherlands;
Dr. R. Hall;
Sri Krishanadevaraya University, Department of Botany, Anantapur, India; Prof. Ch. Sudhakar;
University of Córdoba, ETSIAM, Dept. of Biochemistry and Molecular Biology, Córdoba, Spain; Prof. J. Jorrin;
Waters, Application Centre, Manchester, UK; Dr. J. Langridge,
Dr. H. Vissers.

Publications

Peer Reviewed Papers

AMME, S., A. MATROS, B. SCHLESIER & H.P. MOCK: Proteome analysis of cold stress response in *Arabidopsis thaliana* using DIGE-technology. *J. Exp. Bot.* 57 (2006) 1537–1546.
MATROS, A., S. AMME, B. KETTIG, G.H. BUCK-SORLIN, U. SONNEWALD & H.-P. MOCK: Growth at elevated CO₂ concentrations leads to modified profiles of secondary metabolites in tobacco cv. Samsun NN and to increased resistance against infection with potato virus Y. *Plant Cell Environ.* 29 (2006) 126–137.
REISS, E., B. SCHLESIER & W. BRANDT: cDNA sequences, MALDI-TOF analyses, and molecular modelling of barley PR-5 proteins. *Phytochemistry* 67 (2006) 1856–1864.

ROSSIGNOL, M., J.-B. PELTIER, H.-P. MOCK, A. MATROS, A.M. MALDONADO & J.V. JORRIN: Plant proteome analysis: a 2004–2006 update. *Proteomics* 6 (2006) 5529–5548.
STRICKERT, M., N. SREENIVASULU, S. PETEREK, W. WESCHKE, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT: Unsupervised feature selection for biomarker identification in chromatography and gene expression data. In: Schwenker, F. & S. Marinai (Eds.): Artificial neural networks in pattern recognition: second IAPR Workshop, ANNPR 2006, Ulm, Germany, August 31–September 2, 2006. Proceedings. (Lecture Notes in Artificial Intelligence; 4087). Springer, Berlin (2006) 274–285.
ZIMMERMANN, G., H. BÄUMLEIN, H.-P. MOCK, A. HIMMELBACH & P. SCHWEIZER: The multigene family encoding germin-like proteins of barley. Regulation and function in basal host resistance. *Plant Physiol.* 142 (2006) 181–192.

Book Chapters

SCHLESIER, B. & H.-P. MOCK: Protein isolation and second-dimension electrophoretic separation. In: SALINAS, J. & J.J. SANCHEZ-SERRANO (Eds.): *Arabidopsis* protocols, 2nd edition. (Methods in Molecular Biology; 323). Humana Press, Totowa/USA (2006) 381–391.
STRICKERT, M., T. CZAUDERNA, S. PETEREK, A. MATROS, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT: Full-length HPLC signal clustering and biomarker identification in tomato plants. In: RUAN, D., P. D'HONDT, P.F. FANTONI, M. DE COCK, M. NACHTEGAELE & E.E. KERRE (Eds.): Applied artificial intelligence: proceedings of the 7th International FLINS Conference, Genova, Italy, 29-31 August 2006. World Scientific, Singapore (2006) 549–556.

PhD and Diploma Thesis

KASPAR, S.: Chromatographische Untersuchungen zu zellulären Schutzmechanismen gegen UV-Stress bei Gerste. (Diploma Thesis) Fachhochschule Magdeburg-Stendal, Magdeburg (2006) 61 pp.

Lectures, Posters and Abstracts

V28, V111, V155, V156, V157, V167, V169, V170, V171, V288, V289, P5, P6, P27, P36, P113, P120, P152, P162, P196, P221, P222, P223.

Additional Funding

For further information see the survey page 189.

Research Group: Structural Cell Biology

Head: Dr. Michael Melzer

Scientists

IPK financed

Rutten, Twan, Dr. (P)

Visiting Scientists

Agarwal, Rachna (BMBF, 01.05.–26.08.2006)

Neubohn, Birgit, Dr. (self-financed, 03.07.–14.07.2006)

Prokhorenko, Isabella, Dr. (DFG, 22.04.–19.07.2006)

Rajani Kant, Chittela (BMBF, 01.09.–30.11.2006)

Sainis, Jayashree Krishna, Dr. (BMBF/DLR, 01.12.–31.12.2006)

Goals

As a **core facility for light and electron microscopy**, we offer practical and theoretical advice to solve a range of cell biological problems. Our main focus is in ultrastructural characterisation, the monitoring of dynamic cell processes and the spatial distribution of macromolecules in plants. To this end, we exploit a combination of technologies, including **confocal laser scanning microscopy (CLSM)**, **scanning electron microscopy (SEM)** and **transmission electron microscopy (TEM)**.

Research Report

In the past year several ongoing internal and external cooperations have been successfully carried out or completed. In collaboration with the Gene Function Research Group (L. Borisjuk) we have focused on the **structural and nutritional aspects** of a number of economically important crops including *Vicia narbonensis*, *Brassica napus* and *Triticum sativum*. In *Triticum aestivum* early developmental stages of wild-type and transgenic (expressing the Jekyll protein) barley seeds, ultrastructural changes in lipid deposition were detected, and the **precise localisation of Jekyll expression** in early seed development was established. Immunofluorescence microscopy allowed the location of the Jekyll protein to be narrowed down to the cytoplasm of cells in the transition zone of the seed. Immunogold electron microscopy showed that the Jekyll protein was **localised on the dictyosomes and in vacuolar structures**, indicating that it has a function in transport processes.

For the Gene Regulation Research Group (A. Vorwieger), the effects on protein storage of the over-expression of the

transcription factor Lec1 driven by the constitutive 35S-promoter were studied. Transgenic *Arabidopsis thaliana* seedlings remain small, with the leaves, stem and root tips being significantly thickened. Immunolabelling revealed that the parenchymal cells within these organs contain, within their vacuoles, large deposits of the storage protein cruciferin.

In the Gene Expression Research Group (K. Weigelt), the **inhibition of ADP-glucose pyrophosphorylase (AGP)** has been used to alter the balance between starch and protein synthesis in *Pisum sativum*. Mature transgenic seeds, containing less than the wild type proportion of starch, have a wrinkled surface compared to the smooth one of wild type seeds. In a series of ongoing experiments, we are investigating the morphology and the distribution of amyloplasts and protein bodies during seed development.

In cooperation with the Resources Genetics and Reproduction Research Group (N. Tikhenko) the morphological features of hybrid crosses between *Triticum aestivum* and *Secale cereale* have been analysed (see Fig. 39, p. 118). Usually this cross yields a viable hybrid plant, but in some cases, the hybrids die prematurely, and/or are stunted. The stunting is restricted to the stem, as the roots appear to grow normally. In non-compatible hybrids, the apical meristems remain small, whereas in compatible ones, they increase in size over time.

Glutathione peroxidases (GPX) are key members of the antioxidant network in plants and animals. In cooperation with the Department of Plant Physiology, University of Stockholm we have carried out a morphological characterisation of selected *Arabidopsis thaliana* transgenic lines engineered to have a reduced expression of cpAtGPX1, cpAtGPX7 (AS-cpGPX), and a mutant deficient in AtGPX7 (gpx7). This work has supported the notion that the inhibition of cpGPX activity generates redox changes in the chloroplast and ROS metabolism, which initiate **regulatory signalling cascades** involving leaf development, light acclimation and defence integration.

In an Indo-German collaborative project with the Molecular Biology Division, Bhabha Atomic Research Centre (R. Agarwal, R. Chittela and J. Sainis), **the molecular architecture of the apparatus of photosynthesis and of DNA recombination** has been investigated. Immunolabeling, using antibodies of Calvin cycle enzymes in *Synechococcus* sp. PCC 7942 and *Synechocystis* 6803 and their isolated membrane fractions, indicated that the sequential enzymes of the Calvin cycle are organised along the thylakoid membranes (see Fig. 40, p. 119). These conclusions were supported by a preliminary proteomic survey conducted in cooperation with the Applied Biochemistry Research Group (A. Matros) and the Department of Forest Genetics and Plant Physiology in Umeå (G. Wingsle). It appears that the **thylakoids also serve as the anchoring site** for organising soluble Calvin cycle enzymes in prokaryotes as well as we had earlier ob-

served in plants such as maize and spinach. However, some standardisation of the cryo-fixation protocol for cyanobacteria is still required to exclude fixation artefacts. We have also focused on DNA-protein interactions involving the isolated homologous recombination rice proteins OsRad51 and OsDmc1. The latter mediates homology dependent strand exchange activity, and requires the presence of ATP and its hydrolysis. The OsDmc1–DNA complexes were visualised by transmission electron microscopy and negative staining. Initial experiments showed that, as expected, OsRad51 and RecA formed helical filaments on single- and double-stranded DNA independent of the presence of ATP, while OsDmc1 formed ring-like structures. These results are interesting as this represents the first successful visualisation by electron microscopy of a **DNA-plant recombinase complex**.

In collaboration with the Department of Forest Genetics and Plant Physiology, Swedish University of Agricultural Science in Umeå (G. Wingsle), the cell biological characterisation of **hipl-superoxide dismutase** in antisense plants was extended to the root tissue of poplar and *A. thaliana*.

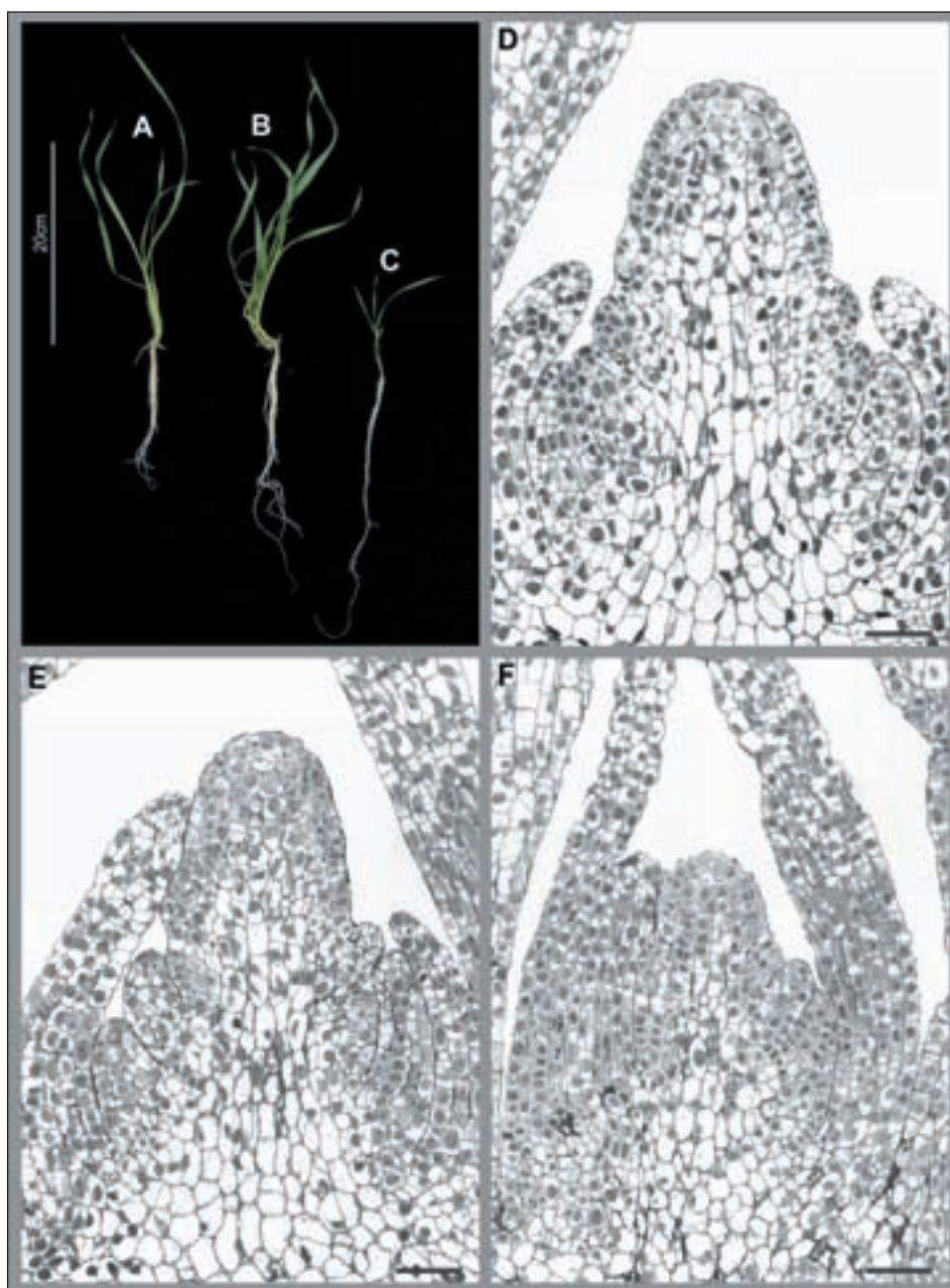


Fig. 39: The seedling morphology and histology of wheat and wheat _ rye hybrids 21 days after germination. (A) Intraspecific wheat hybrids (CS \times CS). (B) Crosses between CS and the compatible rye line T13 yields viable hybrids which at this stage are morphologically indistinguishable from normal wheat plants. (C) Crosses between wheat and the non-compatible rye V1V10 yields a hybrid which although viable, has a severely distorted phenotype. The main stem and tillers remain shorter than those of normal hybrids, although the roots appear well developed. The apical meristem in the wheat hybrids (D) and wheat \times rye T13 (E) hybrids are significantly larger than found in the cross wheat CS \times rye V1V10 (F). Bar D-F = 100 μ m (T. Rutten, N. Tikhenko).

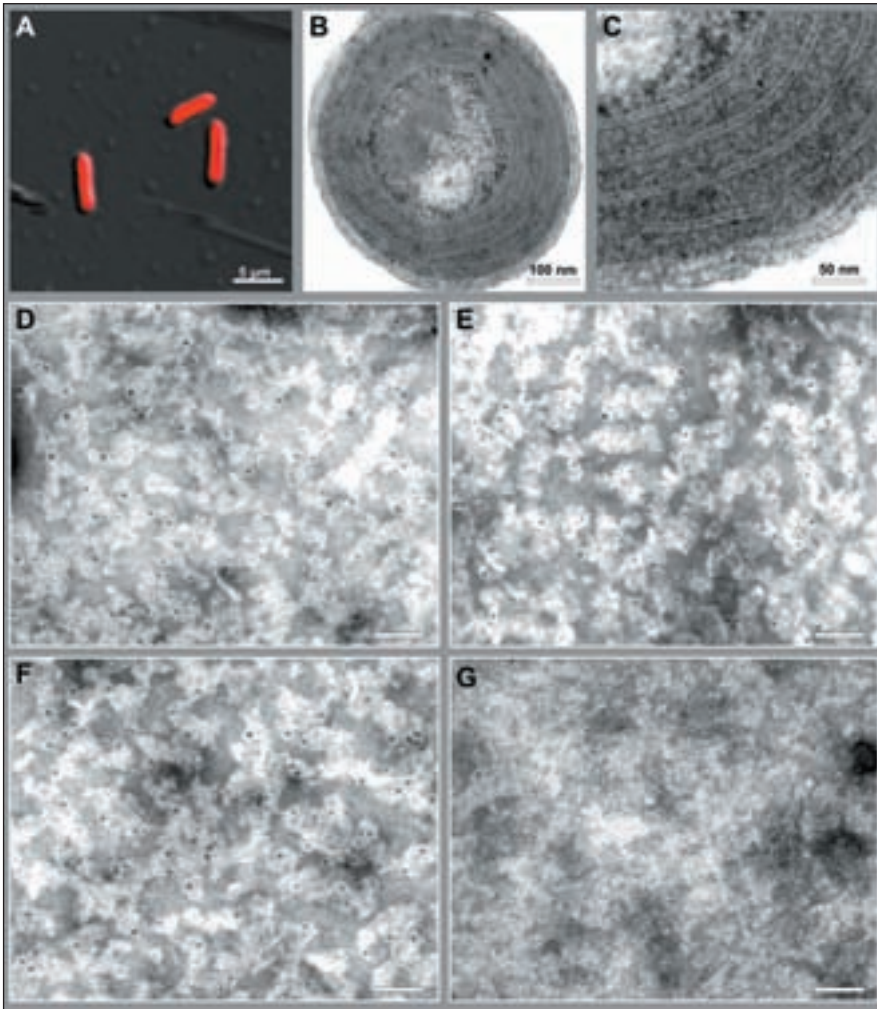


Fig. 40: Fluorescence and electron microscopy of cyanobacteria. Chlorophyll autofluorescence (A) and ultrastructure (B, C) of *Synechococcus* sp. PCC 7942. Immunolabelling of the thylakoid membrane fraction sedimenting at 150,000 x g from cell-free extracts of *Synechocystis* 6803 with 5 nm protein A-gold: CF1 antibody (D), PGK (E) and RPI (F) shows strong labelling in the membranes, while in the control experiment using an antibody against cruciferin, an *A. thaliana* seed storage protein, no significant labelling is detectable (G). Immunolabelling studies with antibodies against Calvin cycle enzymes in cyanobacteria and their isolated membrane fractions indicate their organization along the thylakoid membranes. Bar D-G = 50 nm (S. Ortleb, R. Agarwal, J. Sainis, M. Melzer).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity; Dr. N. Stein;
 Dept. of Genebank, Research Group Resources Genetics and Reproduction; Dr. A. Börner;
 Dept. of Genebank, Research Group *In vitro* Storage and Cryopreservation; Dr. J. Keller;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Karyotype Evolution; Prof. I. Schubert;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;
 Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Apomixis; Dr. T. Sharbel;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Prof. U. Wobus;
 Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumllein;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M. Hajirezaei;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock;
 Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Plant Reproductive Biology; Dr. J. Kumlehn;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Yeast Genetics; Prof. G. Kunze.

Outside the Institute:

Max Planck Institute (MPI) of Molecular Plant Physiology, Golm; Dr. P. Dörrmann;
 Humboldt University Berlin, Faculty of Mathematics and Natural Sciences I, Berlin; Prof. B. Grimm;
 University of Kaiserslautern, Dept. of Plant Physiology, Kaiserslautern; Prof. E. Neuhaus;
 University of Karlsruhe, Institute of Botany II, Karlsruhe; Prof. H. Puchta;
 Swedish University of Agricultural Science, Dept. of Forest Genetics and Plant Physiology, Umeå, Sweden; Prof. G. Wingsle;
 University of Aalborg, Dept. of Life Sciences, Aalborg, Denmark; Prof. K. Grasser;
 University of Stockholm, Dept. of Plant Physiology, Stockholm, Sweden; Prof. S. Karpinski;
 Russian Academy of Sciences, Institute of Basic Biological Problems, Pushino, Russia; Prof. I. Prokhorenko;
 Bhabha Atomic Research Centre, Molecular Biology and Agriculture Division, Bombay, India; Prof. J. Sainis.

Publications

Peer Reviewed Papers

- FRITSCH, R.M., J. KRUSE, K. ADLER & T. RUTTEN: Testa sculptures in *Allium* L. subg. *Melanocrommyum* (Webb & Berth.) Rouy (Alliaceae). Feddes Repert. 117 (2006) 250–263.
- GERNAND, D., T. RUTTEN, R. PICKERING & A. HOUBEN: Elimination of chromosomes in *Hordeum vulgare* × *H. bulbosum* crosses at mitosis and interphase involves micronucleus formation and progressive heterochromatinization. Cytogenet. Genome Res. 114 (2006) 169–174.
- MÜLLER, F., A. HOUBEN, P.E. BARKER, Y. XIAO, J.A. KÁS & M. MELZER: Quantum dots - a versatile tool in plant science? J. Nano-biotechnol. 4 (2006) 5.
- TOGNETTI, V.B., J.F. PALATNIK, M.F. FILLAT, M. MELZER, M.-R. HAJIREZAEI, E.M. VALLE & N. CARRILLO: Functional replacement of ferredoxin by a cyanobacterial flavodoxin in tobacco confers broad-range stress tolerance. Plant Cell 18 (2006) 2035–2050.

PhD and Diploma Thesis

- ORTLEB; S.: Charakterisierung der molekularen Architektur des Photosyntheseapparates bei Cyanobakterien. (Diploma Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2006).

Lectures, Posters and Abstracts

V159, V160, V161, V198, P76, P77, P138, P196, P204.

Additional Funding

For further information see the survey page 189.

Research Group: Plant Reproductive Biology

Head: Dr. Jochen Kumlehn

Scientists

IPK financed

Bruchmüller, Astrid (Annex, since 01.05.2006)
Gahrtz, Manfred, Dr. (0,5 Annex, since 01.03.2005)
Hensel, Götz, Dr. (0,5 Stelle P)
Plasun, Katarzyna (Annex, since 01.12.2006)
Saalbach, Isolde, Dr. (P)
Varshney, Alok, Dr. (Annex, 01.09.–31.12.2006)

Grant Positions

Goedeke, Stefanie (D1010124)
Hensel, Götz, Dr. (0,5 Stelle D1010124)
Kapsi, Eszter K. (BMBF)
Kastner, Christine (DFG, since 18.04.2006)
Kaydamov, Catrin, Dr. (BMBF, 18.04.–30.09.2006)
Riechen, Jan (EU)
Varshney, Alok, Dr. (D2000041, till 30.04.2006; BMBF, 01.05.–31.08.2006)
Zierold, Uwe, Dr. (BMBF, till 31.03.2006; DFG, since 01.04.2006)

Visiting Scientists

Abera, Balcha (DAAD, till 28.02.2006)
Levy, Nathalie (DAAD, 29.03.–29.04.2006; University Palermo, 31.05.–04.08.2006)
Ombori, Omwoyo (DAAD, since 25.09.2006)
Tolokontsev, Dmitry (DAAD, 15.09.–15.12.2006)

Scholars

Huong, Hoang Thi Lan (InWEnt, 13.03.-15.09.2006)

Goals

The Research Group's mandate is to develop and implement cutting-edge cell culture, genetic transformation and micromanipulation technologies, in order to understand plant reproduction and the plant-pathogen interaction.

Research Report

Tissue-specific promoters of transgene expression in monocotyledonous plants are required both for the functional analysis of candidate genes, and for the implementation of genetic engineering in agriculture. As a member of the PRO-GABI consortium, we have produced about 600 inde-

pendent *Agrobacterium*-mediated transgenic barley lines using 23 promoter-reporter gene constructs (G. Hensel, C. Marthe, E. Grützemann). The analysis of reporter gene expression in these plants is in progress. In collaboration with the Transcriptome Analysis Group, we have shown that, for example, the barley GER4c promoter, when induced by the presence of a pathogen, generates a strong level of expression in the leaf epidermis. This research lays the necessary groundwork for a diverse array of transgenic approaches aiming at the improvement of pathogen resistance in the cereals.

The development of reliable cereal **transformation technology**, along with an expanding body of available genetic resources, has stimulated a variety of approaches to functional gene analysis and genetic engineering aimed at crop improvement. As a result, there is an urgent need for rapid and convenient methods to clone effective transformation vectors. In close collaboration with the Transcriptome Analysis Group, we have generated a **versatile set of Gateway[®]-compatible binary destination vectors**, designed for the over-expression (OE) or hairpin RNA-triggered knock-down of candidate genes. This comprehensive collection of vectors comprises five different constitutive or tissue-specific promoters active in the cereals. In two further derivatives, we have engineered a multiple cloning site which facilitates the integration of promoters of choice. A functional analysis of the OE vector series was performed via both the stable and transient expression of the *GUS* reporter gene in barley, whereas the RNAi vectors were tested transiently by inducing gene silencing (TIGS) of barley *MLO* (resulting in the acquisition of resistance to powdery mildew), as well as by sequential stable transformation of GFP-expressing barley with *GFP*-RNAi constructs driven by various constitutive promoters. Fig. 41, p. 122 shows how GFP expression is substantially down-regulated in such super-transformed plants (U. Zierold, G. Hensel, J. Riechen, H. Büchner).

Together with the breeding companies Nordsaat GmbH and Lochow-Petkus GmbH, we have finalised an InnoRegio project on **pollen embryogenesis in wheat**. We were able to develop a method of haploid/doubled haploid wheat plant regeneration which is compatible, in efficiency terms, with the requirements of a practical breeding program (S. Wolf). The method is currently under test using actual breeding material provided by both industrial partners.

The **generation of marker-free transgenic plants** is vital for the successful application of genetic engineering in crop breeding. We have shown that selectable marker genes can be efficiently eliminated from true-breeding transgenic barley using *Agrobacterium*-mediated co-transformation, following which a genetically unlinked effector is separated from the selectable marker through genetic segregation in populations of pollen-derived doubled haploids. In a project funded by the BMBF, we are now aiming to maximise co-transformation efficiency, while at the same time

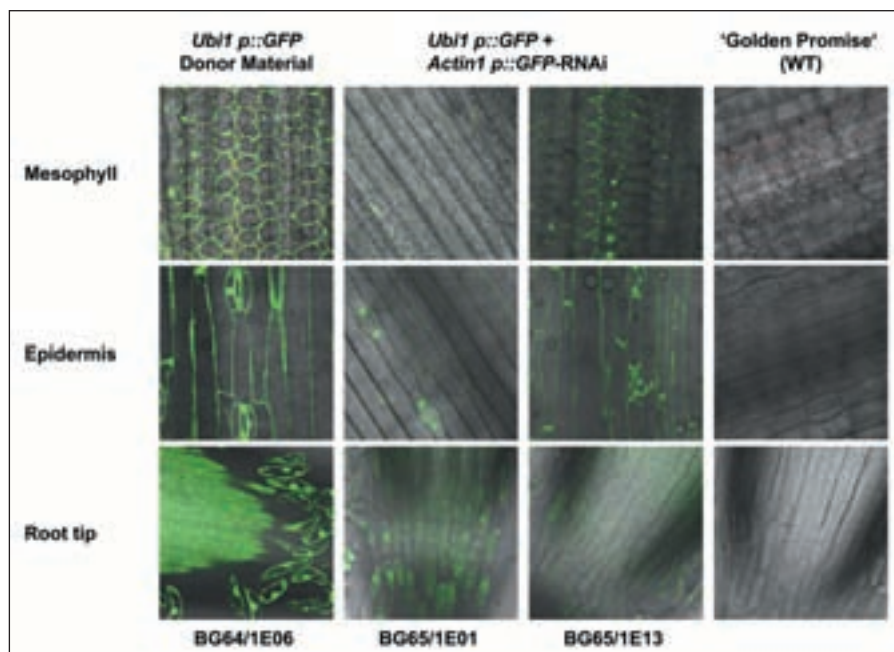


Fig. 41: Confocal laser scanning microscopy images of mesophyll, epidermis and root tips of line BG64/1E06 which was super-transformed using *GFP*-hairpin constructs. Two independent lines expressing this hairpin sequence under the control of the rice *actin1* promoter are compared with transgenic *GFP*-expressing (left) and non-transgenic (right) donor lines (G. Hensel and B. Claus).

attempting to increase the frequency of unlinked (between the effector and selectable marker) integration events (E. Kapusi, G. Hensel).

Hypericum perforatum is an important model species in **apomixis research**. To provide a technological basis for future functional gene analyses, we have now developed a method to efficiently regenerate plants from stem segments of seedlings germinated *in vitro* (S. Freist). The development of an *Agrobacterium*-mediated transformation system for these explants is in progress.

Collaboration with the Max F. Perutz Laboratories of Vienna University has resulted in the refining of a method to produce immature pollen-derived haploid and doubled haploid tobacco lines. A further collaboration, with the Phyto-antibodies Group, seeks to generate recombinant doubled haploid lines via pollen embryogenesis from F1 hybrids between a pair of independent primary transgenic plants, each constitutively expressing either the light or the heavy chain of an HIV-neutralising recombinant antibody. Since segregation of populations of doubled haploids is much less complicated than that within conventional progeny, and since the regenerants from immature pollen culture are strictly homozygous, it has been possible to produce numerous **true-breeding individuals expressing complete anti-HIV antibodies** (I. Otto, A. Müller, I. Saalbach). Preliminary results have also been obtained from androgenetic pollen cultures of potato (K. Plasun, C. Marthe, collaboration with MTT Agrifood Research Finland) and pea (P. Hoffmeister, I. Saalbach, collaboration with *In Vitro* GmbH Aschersleben) which succeeded in embryo and plant formation, respectively.

In two PhD projects, we are currently attempting to enhance the level of **recombinant protein expression in barley**

endosperm through the use of specific promoters in the context of various up- and downstream regulatory DNA-elements, as well as by the manipulation of epigenetic mechanisms (S. Goedeke, A. Bruchmüller). A fluorescence-based protocol has also been established to quantify recombinant *GFP* in barley endosperm (S. Goedeke, G. Hensel, M. Gahrtz).

The stable **transformation of barley with an avian influenza (H5N1) haemagglutinin gene**, under the control of the seed-specific wheat α -gliadin promoter, has achieved a high level of **tissue-specific expression in the mature endosperm** of this major antigen (C. Marthe, G. Hensel, S. Goedeke). The seeds of these plants, if confirmed to be immunogenic, will provide an ideal means for the large-scale vaccination against this extremely dangerous disease of domestic poultry and wild bird populations. This research has been performed in collaboration with the Department of Cancer Biology, Thomas Jefferson University (Philadelphia, USA).

Field pea does not only constitute an important protein-rich forage plant for Central Europe, but is also regarded as a promising vehicle for the large scale production of recombinant proteins. A significant enhancement in the protein content of pea seeds has been achieved by the **seed-specific ectopic expression of the aminoacid permease 1 gene of *Vicia faba***. In a project conducted in collaboration with the Gene Expression Group, we have shown that this result can be extended to field-grown materials. The first field trial of a selectable marker-free homozygous transgenic "production line" has recently been carried out in the USA, in cooperation with Novoplant GmbH. The trial showed that the stable **expression of recombinant single-chain antibodies specific for enterotoxigenic *E. coli* strains** can also be obtained **under field conditions** (I. Saalbach, S. Knüpffer, P. Hoffmeister).

Collaboration*Within the Institute:*

Dept. of Genebank, Research Group Genome Diversity;
Dr. N. Stein;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Chromosome Structure and Function; Dr. A. Houben;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Apomixis; Dr. T. Sharbel;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Epigenetics; Dr. F.M. Mette;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Transcriptome Analysis; Dr. P. Schweizer;

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Bioinformatics; Dr. U. Scholz;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Expression; Dr. W. Weschke, Dr. H. Weber, K. Weigelt;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Gene Regulation; Dr. H. Bäumlein, D. Koszegi;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Phytoantibodies; Dr. U. Conrad, D. Floß;

Dept. of Molecular Genetics, Research Group Expression Mapping; Dr. L. Altschmied;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M. Hajirezaei;

Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer.

Outside the Institute:

Novoplant GmbH, Gatersleben; Dr. D. Falkenburg;

SunGene GmbH, Gatersleben; Dr. J. Lerchl, Dr. B. Tschiersch;

In Vitro GmbH, Aschersleben; Dr. L. Schubert;

BASF Plant Science, Ludwigshafen; Dr. M. Frank;

Humboldt-University Berlin, Institute of Biology, Berlin;
K. Rosner;

Lochow-Petkus GmbH, Bergen-Wohlde; Dr. E. Ebmeyer;

Nordsaat Saatzucht GmbH, Böhnshausen;
Dr. R. Schachschneider;

Saaten-Union, Resistenzlabor, Hovedissen; Dr. J. Weyen;

Strube Saatzucht KG, Schlanstedt; Dr. G. Koch;

Federal Centre for Breeding Research on Cultivated Plants (BAZ), Quedlinburg; Dr. J. Schubert, Dr. A. Habekuss,
Dr. V. Fomitcheva;

University Gießen, Institute of Phytopathology and Applied Zoology (IPAZ), Gießen; Prof. K.-H. Kogel, Dr. G. Langen;

Friedrich Alexander University Erlangen-Nürnberg, Institute of Biochemistry, Erlangen; Prof. U. Sonnwald;

University Regensburg, Department of Cell Biology and Plant Physiology, Regensburg; Prof. T. Dresselhaus;

Technical University Munich, Institute of Phytopathology, Munich; Prof. R. Hückelhoven;

University Kiel, Institute of Botany, Kiel; Prof. K. Krupinska;

University Zurich, Institute of Biochemistry, Zurich, Switzerland; Dr. A. Honegger;

University Palermo, Agricultural Faculty, Palermo, Italy;
M.-A. Germaná, B. Chiancone, N. Levy;

University Vienna, Max F. Perutz Laboratories, Vienna, Austria; Dr. A. Touraev, Dr. T. Resch;

Scottish Crop Research Institute, Genome Dynamics
Department, Invergowrie, UK; Dr. D. Leader,
Dr. C. Lacomme, J. Middlefell-Williams;

MTT Agrifood Research, Jokioinen, Finland; Dr. V.-M. Rokka;
Thomas Jefferson University, Jefferson Medical College,
Department of Cancer Biology, Philadelphia, USA;
Dr. N. Borisjuk.

Publications*Peer Reviewed Papers*

GUGSA, L., A.K. SARIAL, H. LÖRZ & J. KUMLEHN: Gynogenic plant regeneration from unpollinated flower explants of *Eragrostis tef* (Zuccagni) Trotter. *Plant Cell Rep.* 25 (2006) 1287–1293.

KUMLEHN, J., L. SERAZETDINOVA, G. HENSEL, D. BECKER & H. LOERZ: Genetic transformation of barley (*Hordeum vulgare* L.) via infection of androgenetic pollen cultures with *Agrobacterium tumefaciens*. *Plant Biotechnol. J.* 4 (2006) 251–261.

RADCHUK, V., L. BORISJUK, R. RADCHUK, H.-H. STEINBISS, H. ROLLETSCHKE, S. BROEDERS & U. WOBUS: *Jekyll* encodes a novel protein involved in the sexual reproduction of barley. *Plant Cell* 18 (2006) 1652–1666.

Additional Publications of 2005

CORONADO, M.J., G. HENSEL, S. BROEDERS, I. OTTO & J. KUMLEHN: Immature pollen-derived doubled haploid formation in barley cv. Golden Promise as a tool for transgenic recombination. *Acta Physiol. Plant.* 27 (2005) 591–599.

Lectures, Posters and Abstracts

V6, V96, V97, V109, V137, V138, V139, V140, V306, P23, P24, P47, P48, P49, P61, P62, P67, P68, P78, P79, P85, P86, P97, P161, P168, P202, P204, P215, P228.

Additional Funding

For further information see the survey page 190.

Research Group: Yeast Genetics

Head: Prof. Gotthard Kunze

Scientists

IPK financed

Steinborn, Gerhard, Dr. (P)

Grant Positions

Böer, Erik, Dr. (BMBF, till 30.09.2006; D2000042, since 01.10.2006)

Körner, Martina, Dr. (AiF, since 18.04.2006)

Kumme, Jacqueline (AiF, till 10.03.2006)

Scholz, Anja (LSA/LFI, till 31.12.2006)

Tag, Kristina, Dr. (LSA/SFI, till 31.12.2006)

Visiting Scientists

Baronian, Keith, Dr. (BMBF/DLR, 05.07.–02.08.2006)

El Fiki, Ayman, Dr. (BMBF, 01.07.–30.09.2006)

El Metabteb, Gamal, Dr. (BMBF, 01.05.–31.07.2006)

Scholars

Knobloch, Peggy (scholarship DBU, till 31.05.2006)

Watzke, Katja (scholarship DBU)

Goals

The major objective of the research group is develop yeast as a **model organism** for the analysis of **osmo-tolerance**, and as an expression platform for **heterologous gene expression**. The latter is being exploited for **functional gene analysis**, as well as for the production of heterologous proteins. The yeast species used include both *Saccharomyces cerevisiae* and **non-Saccharomyces yeasts** such as *Arxula adenivorans*. Yeasts and filamentous fungi also constitute a source of genes which could be used for metabolic redesign of plants, in order to engineer improved quality of end products, or to develop recombinant microbes for use as **biosensors of environmental pollution**.

Research Report

Some yeasts exhibit extremely high levels of **osmo-resistance**, and are therefore particularly suitable as model organisms for a detailed analysis of this phenomenon. *A. adenivorans* is of special interest to the intergroup project "Molecular analysis of salt tolerance in barley", as it can grow on media containing up to 20 % NaCl. The program is focused on the analysis of the key pathways which underlie

this tolerance, and the identification of compatible solutes. In contrast to organisms with moderate osmo-resistance, which activate the HOG pathway by the phosphorylation of the relevant enzymes, highly osmo-resistant yeasts also induce the expression of genes in this pathway, such as the MAPKK kinase *ASTE11* and the MAP kinase *AHOG1*. Phosphorylated Ahog1p induces the expression of genes encoding the synthesis of **compatible solutes**, such as glycerol, erythritol and mannitol. Whereas the levels of glycerol and erythritol correlate directly with the osmolarity of the culture media, intracellular mannitol is accumulated relatively independently of the osmolarity of the medium to a very high extent. This effect, together with the combination of phosphorylation and gene induction, seems to provide a better level of adaptation to the transition from low to high osmolarity conditions. Mannitol dehydrogenase regulation is being investigated in more detail, by means of the construction of mannitol dehydrogenase gene disruption mutants (E. Böer, G. Steinborn, A. El Fiki, G. El Metabteb, M. Hajirezaei - Group Molecular Plant Physiology).

A. adenivorans is able to assimilate and ferment many compounds as its sole energy and carbon source. These include tannin, pyrogallol, protocatechuic acid, purine and uric acid. The metabolism of these compounds is based on pathways that are either completely unknown or only partially characterised (e.g., **tannin** and **purine** biodegradation). The first steps in tannin metabolism were identified by means of the isolation and characterisation of the genes involved and their respective gene products. It is hydrolysed to gallic acid by the enzyme **tannase**, and subsequently converted to pyrogallol by gallate decarboxylase. These genes are of biotechnological interest - the gene encoding tannase may be useful as a means to reduce the amount of tannic acid present in animal feedstock and agricultural waste water, or may serve to improve biogas production based on plant materials (E. Böer, G. Steinborn, H.-P. Mock, Group Structural Cell Biology, M.R. Hajirezaei, Group Molecular Plant Physiology).

The exploitation of yeasts and filamentous fungi as a source of genes encoding proteins of biotechnological interest has been targeted predominantly at those which may have an impact on the quality of plant products. Some specific examples are the *A. adenivorans*-derived genes encoding enzymes with broad substrate specificity such as **tannase**, **acid phosphatase with phytase activity** and **lipase**. These may be of future value as feed and food additives, and may also play a role in biogas production since the presence of mixtures of these enzymes has been shown to significantly improve biogas yield (E. Böer). Based on differences in their substrate specificity, both native and recombinant **anthocyanases** from *Candida molischiana*, *Schizosaccharomyces pombe*, *Debaryomyces hansenii* and *Pichia etchellsii* have been analysed. These enzymes are particularly suitable for decolorising anthocyanin-containing products such as grape extract (P. Knobloch, H.-P. Mock - Group Structural Cell Biology - see Fig. 42, p. 125).

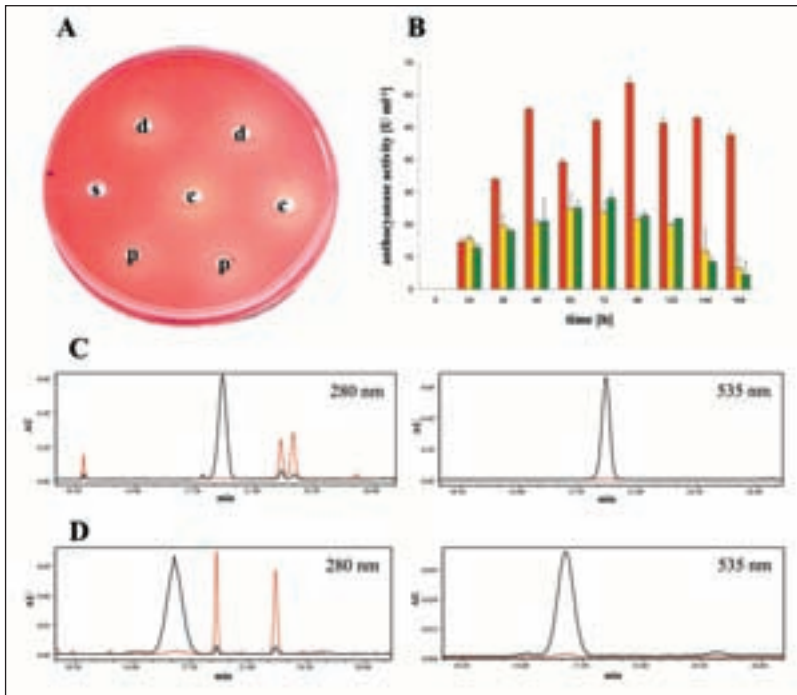


Fig. 42: Analysis of anthocyanases isolated from various yeasts. (A) Yeasts as donors of anthocyanase genes. For this purpose, media of various yeast cultures were spotted on to agar plates supplemented with grape juice. During incubation (18 h, 30 °C) the anthocyanase cleaves β -glycosidic bounded sugars from the anthocyanins of grape juice, leading to *Candida molischiana* [c], *Debaryomyces hansenii* [d] and *Schizosaccharomyces pombe* [p] synthesizing and accumulating anthocyanase in the culture medium. *Saccharomyces cerevisiae* [s] was included as a typical anthocyanase-negative yeast. (B) Extracellular anthocyanase accumulation by *C. molischiana* [red], *D. hansenii* [yellow] and *Sch. pombe* [green] in yeast minimal medium, supplemented with 2 % cellobiose. To determine the substrate specificity of *C. molischiana* anthocyanase, purified anthocyanase was incubated with (C) cyanidin-3-O-glycoside and (D) malvidin-3,5-di-O-glycoside for 3 h at 40 °C and the reaction was subsequently tested by HPLC for decolorisation (at 535 nm) and protein degradation (at 280 nm) (P. Knobloch, H.-P. Mock).

A wide-range integrative yeast expression vector system based on *A. adenivorans*-derived plasmids has been further refined. Plasmids containing auxotrophic selection markers with deleted promoters allowed for the stable integration of high copy numbers of expression cassettes and an increased expression level in *A. adenivorans*, *S. cerevisiae*, *D. hansenii*, *D. polymorphus*, *Hansenula polymorpha* and *P. pastoris*. These vectors have been further modified, whilst maintaining only yeast sequences for integration, resulting in a further increase in copy number and transformation frequency. The system has been patented and applied in a comparative assessment of various yeast platforms (*A. adenivorans*, *S. cerevisiae*, *H. polymorpha*) for the production of several recombinant proteins such as anthocyanase, tannase, phytase and interleukin-6 (G. Steinborn, E. Böer, P. Knobloch). In addition it has been used to express bacterial genes from *Ralstonia eutropha* and *Methylobacterium extorquens* in order to synthesise polyhydroxyalkanoate (PHA), a biodegradable plastic. The resulting transformants accumulate high amounts of either poly-3-hydroxybutyrate (PHB) and poly-3-hydroxyvalerate (PHV), depending on the culture conditions imposed (A. Scholz, E. Böer).

Another established direction in the research group surrounds the development of yeast biosensors (mainly *A. adenivorans*). The validation of a microbial oestrogen sensor based on recombinant *A. adenivorans* which includes the human oestrogen receptor hER α has been progressed in a new cooperation with the reference laboratory (EU- und Nationales Referenzlabor für Rückstände) of the „Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit“. With a detection limit of 2ng/l for 17 β -estradiol-like activity, this sensor is currently the most sensitive available for endocrine-disrupting substances. The detection assay is compatible with a biochemical measurement as well with

amperometric detection method, so is also suitable for the determination of oestrogenic activity in waste water, mineral water, calf urine and even meat (M. Körner, C. Kaiser, K. Tag, J. Kumme, K. Baronian).

A second biosensor project uses DNA and piezo-crystals. This has been developed and adapted for the taxonomic analysis of fungi (arbuscular mycorrhiza) as well as for identification and classification of mycorrhiza residing on plant roots. The sensor based on genera and species-specific mycorrhiza rDNA sequences has been validated and applied in the analysis of the mycorrhizal content in plant populations growing under extreme conditions (K. Tag, K. Watzke, G. Oswald – see Fig. 43).

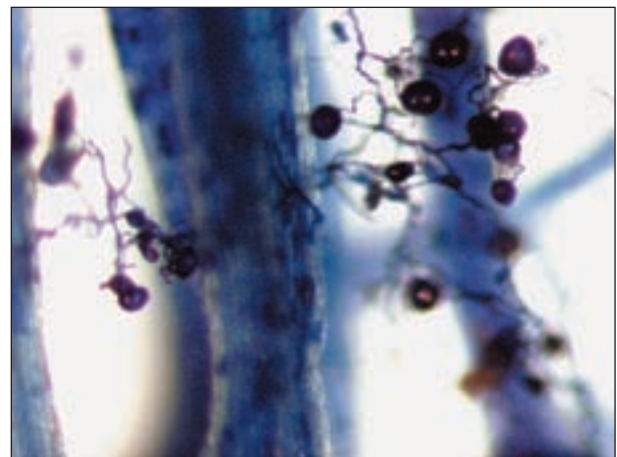


Fig. 43: Mycorrhizal infection of St. John's wort by the arbuscular mycorrhiza *Glomus intraradices* (K. Watzke, A. Spindler – AMykor GmbH).

Collaboration

Within the Institute:

Dept. of Cytogenetics and Genome Analysis, Research Group Transcriptom Analysis; Dr. P. Schweizer;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Molecular Plant Physiology; Dr. M. Hajirezaei;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Applied Biochemistry; Dr. H.-P. Mock;
Dept. of Molecular Cell Biology, Research Group Structural Cell Biology; Dr. M. Melzer.

Outside the Institute:

AMykor GmbH, Wolfen; Dr. R. Watzke;
Anhalt University of Applied Sciences, Bernburg;
Prof. B. Schellenberg;
Anhalt University of Applied Sciences, Köthen;
Prof. G. Mägert;
ARTES Biotechnology GmbH, Düsseldorf; Dr. M. Piontek;
ASA Spezialenzyme GmbH, Braunschweig; Dr. A. Cordes;
BEC GmbH, Halle/S.; Prof. E. Loettel;
Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Referat 108 – EU- und Nationales Referenzlabor für Rückstände, Berlin; Dr. P. Gowik;
Centre for Environmental Research (UFZ) Leipzig-Halle GmbH, Leipzig; Dr. U. Breuer;
Christchurch Polytechnic Institute, Christchurch, New Zealand; Dr. K. Baronian;
c-LEcta GmbH, Leipzig; Dr. M. Struhalla;
Hong Kong University of Science & Technology, Hong Kong, China; Prof. R. Renneberg;
Institut für Autonation und Kommunikation e.V. Magdeburg (ifak), Magdeburg; Dr. A. Auge;
Institute of Genomics & Integrative Biology, Delhi, India; Dr. R. Kumar;
Institut für Energie- und Umwelttechnik e.V. (iuta), Duisburg; Dr. V. Plegge;
National Centre for Radiation Research and Technology, Cairo, Egypt; Dr. A. El Fiki;
Novoplant GmbH, Gatersleben; Dr. Falkenburg;
PharmedArtis GmbH, Aachen; Prof. G. Gellissen;
PROLATEC GmbH, Dresden; Dr. G. Hanke;
Quo data GmbH, Dresden; Dr. S. Uhlig, K. Simon;
RWTH Aachen, Range IV (Microbiology), Aachen;
Prof. J. Büchs;
UFL Umweltanalytik- & Forschungs GmbH, Lichtenstein; Dr. D. Dornig;
University Bloemfontein, Bloemfontein, South Africa; Prof. J.C. du Preez, Dr. J. Albertyn;
University Delhi, Department of Microbiology, Delhi, India; Prof. T. Satyanarayana;
University Greifswald, Institute of Genetics and Biochemistry, Greifswald; Prof. R. Bode.

Publications

Peer Reviewed Papers

HAHN, T., K. TAG, K. RIEDEL, S. UHLIG, K. BARONIAN, G. GELLISSSEN & G. KUNZE: A novel estrogen sensor based on recombinant *Arxula adenivorans* cells. *Biosens. & Bioelectronics* 21 (2006) 2078–2085.
STEINBORN, G., E. BÖER, A. SCHOLZ, K. TAG, G. KUNZE & G. GELLISSSEN: Application of a wide-range yeast vector (CoMed™) system to recombinant protein production in dimorphic *Arxula adenivorans*, methylotrophic *Hansenula polymorpha* and other yeasts. *Microb. Cell Fact.* 5 (2006) 33.

Books and Book Chapters

KUNZE, G. & K. RIEDEL: Microbial biosensors for toxicity testing. In: RIEDEL, K., G. KUNZE & K.H.R. BARONIAN (Eds.): *Biosensors and bioassays based on microorganisms*. Research Signpost, Trivandrum/India (2006) 105–129.
RIEDEL, K. & G. KUNZE: Yeasts as microbial components for determination of Biochemical Oxygen Demand (BOD). In: RIEDEL, K., G. KUNZE & K.H.R. BARONIAN (Eds.): *Biosensors and bioassays based on microorganisms*. Research Signpost, Trivandrum/India (2006) 73–86.
RIEDEL, K. & G. KUNZE: Fundamentals of microbial biosensors. In: RIEDEL, K., G. KUNZE & K.H.R. BARONIAN (Eds.): *Biosensors and bioassays based on microorganisms*. Research Signpost, Trivandrum/India (2006) 1–19.
RIEDEL, K., G. KUNZE & K.H.R. BARONIAN (Eds.): *Biosensors and bioassays based on microorganisms*. Research Signpost, Trivandrum/India (2006) 253 pp.
TAG, K., T. HAHN, K. RIEDEL & G. KUNZE: Assays and microbial biosensors for detection of endocrine disruptors (EDs). In: Riedel, K., G. Kunze & K.H.R. Baronian (Eds.): *Biosensors and bioassays based on microorganisms*. Research Signpost, Trivandrum/India (2006) 211–228.
TAG, K., K. RIEDEL, K.H.R. BARONIAN & G. KUNZE: Determination of heavy metal ions by microbial biosensors. In: RIEDEL, K., G. KUNZE & K.H.R. BARONIAN (Eds.): *Biosensors and bioassays based on microorganisms*. Research Signpost, Trivandrum/India (2006) 193–209.

PhD and Diploma Thesis

KRÜGER, Y.: Nachweis von *Glomus intraradices* aus DNA-Proben mittels eines Fluoreszenz-Hybridisierungs-Assays. (Diploma Thesis) Technische Universität Braunschweig, Braunschweig (2006) 67 pp.
MÜLLER, I.: Konstruktion von PHA produzierenden *Arxula adenivorans* Stämmen zur Expression der *Ralstonia eutropha* Gene *phbA* und *phbB*. (Diploma Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2006) 86 pp.

Patents

KUNZE, G., BÖER, E.: Polypeptide mit Tannase- und/oder Lipase-Aktivität. WO 2006/002955 A2/A3, Anmeldetag: 02.07.2004, Prioritätsdatum: 02.07.2004, Anmelder: IPK, Offenlegung: 26.01.2006, IPK-Nr. 2004/03.

KUNZE, G., MOCK, H.-P., KNOBLOCH, P., AMME, S.: Anthocyanase-haltige Reinigungsmittelzusätze. Prioritätsdatum: 21.09.2005, Anmelder: IPK, Gebrauchsmuster, Tag der Eintragung 16.02.2006, IPK-Nr.: 2005/05.

Lectures, Posters and Abstracts

V89, V141, V142, V143, V144, V145, V146, V147, V148, V254, V265, V274, P82, P88, P170, P187, P207, P208, P209.

Additional Funding

For further information see the survey page 190–191.

Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)

Koordinator:
Dr. habil. Patrick Schweizer

Das Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC; <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/>) des IPK erbrachte auch im Jahr 2006 Serviceleistungen für eine große Zahl interner Nutzer und koordinierte internationale Kooperationen und Forschungsnetzwerke insbesondere im Bereich Genomforschung der Gerste. Im Gegensatz zu den Jahren 2004 und 2005 erfolgte im Berichtsjahr keine wesentliche Umstrukturierung des PGRC, was bedeutet, dass die momentane Organisationsform den Anforderungen der Arbeitsgruppen des Instituts gerecht wird. Eine Anfang 2006 erfolgte Änderung im Organigramm des Instituts, die auch Auswirkung auf das PGRC hat, ist die Restrukturierung der Abteilung „Cytogenetik und Genomanalyse“ (ehem. Cytogenetik) in die beiden Bereiche „Cytogenetik“ (sieben Arbeitsgruppen; Leiter Prof. I. Schubert) und „Genomanalyse“ (vier Arbeitsgruppen; Leiter Dr. P. Schweizer). Die zum Bereich Genomanalyse gehörenden Arbeitsgruppen Transkriptomanalyse, Expressionskartierung, Bioinformatik als auch Gen- und Genomkartierung sind alle im Genomzentrum angesiedelt. Dies erleichtert auch die Koordinierung laufender oder zukünftiger Serviceleistungen, welche die ersten drei Gruppen erbringen.

Für den wissenschaftlichen Fortschritt der zum PGRC gehörenden Arbeitsgruppen wird auf die Jahresberichte der jeweiligen Gruppen verwiesen.

1. PGRC-Service:

Im Frühling 2006 wechselte die In-Haus-Sequenzierung vom MegaBACE 1000- zum ABI 3730-System. Dieser Gerätewechsel war kurzfristig möglich durch die koordinierte Anschaffung im Zusammenhang mit dem im Rahmen des von der Leibniz-Gemeinschaft bewilligten Projektes „Die Physikalische Karte des Gerstengenoms“. Motiviert war dieser schnelle Wechsel durch die Erfahrung des letzten Jahres, dass MegaBACE1000 für Re-Sequenzierungsprojekte, die höhere Anforderungen an die Sequenzqualität stellen, nicht optimal geeignet sind. Infolge der hohen Kapazität des neuen Sequenziergeräts werden keine Engpässe durch die gemeinsame Nutzung im PGRC-Service als auch im Genomkartierungsprojekt erwartet. Ausgerüstet mit dem neuen Gerät konnte die Sequenzqualität signifikant gesteigert werden, bei erhöhtem Durchsatz und gleichbleibenden Preisen pro Sequenz. Der Arrayservice bewährte sich in Kooperationsprojekten im IPK als auch mit externen Partnern in Deutschland und Europa. Als Folge davon wird das IPK als Ressourcenzentrum stärker wahrgenommen. Mehrere

Plant Genome Resources Centre (PGRC)

Koordinator:
Dr. Patrick Schweizer

The Plant Genome Resources Centre (PGRC; <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/>) of the IPK has provided service to a large number of users in-house in 2006, besides continuing to coordinate international cooperations and networks in the field of crop plant genomics, especially barley genomics. Unlike in previous years, no major re-structuring of the PGRC was undertaken in 2006 indicating that the current organisation is meeting the needs of the institute. One re-organisation with impact on PGRC work concerns the structuring of the Cytogenetics department into the sections Cytogenetics (7 groups, head Prof. Ingo Schubert) and Genome Analysis (4 groups, head Dr. Patrick Schweizer) at the beginning of 2006. The groups Transcriptome Analysis, Bioinformatics, Expression Mapping and Gene- and Genome Mapping belonging to section Genome Analysis are all located in the Genome-Centre building. The first three also provide PGRC services, which will facilitate the well-coordinated organization of these services.

Scientific progress within working groups that belong to the PGRC is not presented here. Please refer to the annual reports of the corresponding groups.

1. PGRC Service:

In spring 2006, in-house sequencing switched from the MegaBACE 1000 system to ABI 3730. This was possible in the context of the acquisition of one ABI 3730 instrument for WGL-project "Physical Map of the Barley Genome". The major motivation for this change was the limited usefulness of MegaBACE 1000 in several re-sequencing (haplotyping) projects that started in 2005. No bottlenecks are expected by a dual use of the ABI sequencer in physical mapping and sequencing. Equipped with the new ABI instrument, the PGRC sequencing service could enhance its throughput and quality while keeping the prices constant. The arraying service turned out to be highly instrumental for collaborative work with partners at the IPK as well as from other institutions within Germany and Europe. Therefore, the recognition of IPK/PGRC as resource centre has grown. Several scientific papers based on these collaborations have appeared or are in preparation.

2. The new barleyPGRC2 cDNA array:

Several new project of the IPK planned transcript profiling in barley. Therefore, we have undertaken the design and production of a new nylon membrane-based cDNA macro-array, the barleyPGRC2 array. This array is a further devel-

wissenschaftliche Publikationen, die auf diesen Kooperationen basieren, sind erschienen oder in Vorbereitung.

2. Der neue barleyPGRC2 cDNA-Array:

In mehreren bewilligten Projekten sind Transkriptprofilierungsexperimente geplant. Aus diesem Grund nahmen wir das Design und die Produktion eines neuen, nylonmembranbasierten cDNA-Arrays in Angriff. Der Array ist eine Weiterentwicklung des barleyPGRC1-Arrays und enthält rund 13.000 Unigene inklusive der 10.000 Gene des Vorgängerarrays. Der neue Array ist das Produkt einer Kooperation der zum PGRC gehörenden Arbeitsgruppen Transkriptomanalyse, Genomdiversität, Experimentelle Taxonomie und Expressionskartierung. Das 'spotting' des Arrays konnte vor kurzem gestartet werden, und es sollen rund 1.000 „A“ and auch „B“ Membranen, die je rund 6.500 Unigene tragen, hergestellt werden.

3. BarleyGenomeNet (BGN):

Der PGRC-Koordinator, der momentan auch das BGN koordiniert, ist stark an der Aktivierung dieses Gerstengenomnetzwerkes durch direkt geförderte, gemeinsame Projekte zwischen BGN-Partnern interessiert. Diese Bestrebungen führten im Rahmen der aktuellen „ERA-Plant Genomics“-Ausschreibung zusammen mit Kollegen zur Einreichung zweier Projektanträge für Assoziationsgenetik im großen Umfang (Projekt-Akronym „EXBARDIV“) und für Mutationskartierung und BAC-Endsequenzierung (Projekt-Akronym „BARCODE“). An beiden Projekten sind Wissenschaftler des IPK beteiligt (A. Graner, N. Stein, M. Röder, P. Schweizer).

Patrick Schweizer, Januar 2007

opment of the barleyPGRC1 array and contains ca. 13,000 unigenes including 10,000 unigenes from the previous array. The new array is a joint effort of the PGRC groups Transcriptome Analysis, Genome Diversity, Experimental Taxonomy, Expression Mapping and Bioinformatics. Spotting of the array has started, and we expect to produce approximately 1,000 “A” plus 1,000 “B” membranes, each carrying ca. 6,500 unigenes.

3. BarleyGenomeNet (BGN):

The PGRC coordinator who is currently also coordinating BGN is strongly committed to activate this European barley network by directly funded, joint projects. This finally led to a project application for large-scale association mapping in barley that has been submitted in the context of the ERA-Plant Genomics program. The projects “EXBARDIV” (for “EXploiting BARley DIVersity”), which is coordinated by Dr. A. Flavell (Dundee University/SCRI) and “BARCODE”, which is coordinated by Prof. R. Waugh (SCRI), will be funded, in Germany by DFG. Participants from the IPK are A. Graner, N. Stein, P. Schweizer and M. Röder.

Patrick Schweizer, January 2007

Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle (BIC-GH)

**Prof. Dr. Ivo Große, Dr. Uwe Scholz,
Dr. Falk Schreiber, Dr. Udo Seiffert**

Ein Höhepunkt des BIC-GH in diesem Jahr war die Freischaltung des **Plant Bioinformatics Portals**, <http://www.bic-gh.de>, im März 2006. Es dient als zentraler Einstiegspunkt und Repräsentationsplattform des BIC-GH und konnte in diesem Jahr um zehn neue Anwendungen bereichert werden. Seit der Freischaltung des Portals auf dem neuen Application Server des BIC-GH im März 2006 wurden bis Anfang Dezember über 10.000 Zugriffe gezählt. In Kooperation mit unserem Industriepartner B.I.M.-Consulting mbH, Magdeburg, wurden weitere Daten aus öffentlichen Datenbanken in das Plant Data Warehouse integriert. Zu nennen sind z.B. Sequenzdaten von neun verschiedenen Kulturpflanzen, unter anderem Gerste, Weizen, Kartoffel, Erbse, Tabak und auch Reis sowie der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*. Die Quellen sind neben internen Datenbanken, wie z.B. CR-EST und SeqDB, die externen Systeme NCBI Genbank, TIGR und TAIR. Der Integrationsprozess ist dokumentiert und automatisiert, so dass bei Aktualisierungen in den Quellen ein automatisches Update initiiert werden kann. Somit ist es jetzt und in Zukunft möglich, IPK-interne Daten, wie z.B. Gersten-Marker, im Zusammenhang mit öffentlichen Daten, wie z.B. dem Reis-Genom, zu analysieren.

Die zunehmende Vernetzung der Arbeitsgruppen Bioinformatik und Plant Data Warehouse mit den experimentell arbeitenden Gruppen am IPK kann an den folgenden Beispielen illustriert werden. In Kooperation mit der Arbeitsgruppe Genomdiversität wurde die **Pyrosequencing Datenbank (PSQDB)** entwickelt, die die Speicherung von Pyrosequenzierungsdaten verschiedener Organismen und verschiedener Pyrosequenzierungsprojekte und deren anschließende Integration mit Sequenzdaten, Passportdaten sowie Charakterisierungs- und Evaluierungsdaten im Plant Data Warehouse ermöglicht. Der **Sequence Mapping eXplorer (SMeX)**, der das clusterbasierte Finden von EST-Markern ermöglicht und damit bei der Markerentwicklung hilft, wurde ebenfalls in Kooperation mit der Arbeitsgruppe Genomdiversität entwickelt. Die syntäniebasierte Kartierung von Gersten-ESTs wurde in diesem Jahr weitergeführt und erlaubt inzwischen die Kartierung von rund 30 % der mehr als 400.000 öffentlich verfügbaren EST aus Gerste mit einer Genauigkeit von 5 cM. In Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung wird derzeit eine Datenbank für Malz- und Brauqualität von Sommergersten aufgebaut, um datenbankbasierte Assoziationsstudien zu ermöglichen. Eine Pipeline zur Normierung, Filterung und Analyse von Expressionsdaten wurde in Zusammenarbeit mit den Arbeitsgruppen Bioinformatik, Expressionskartie-

Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH)

**Prof. Ivo Große, Dr. Uwe Scholz,
Dr. Falk Schreiber, Dr. Udo Seiffert**

One event important for the BIC-GH was the launch of the **Plant Bioinformatics Portal**, <http://www.bic-gh.de>, in March 2006. It serves as the central point of entry and as the communication platform of the BIC-GH and was enriched by ten new applications in 2006. More than 10,000 accesses could be registered since the launch of the Plant Bioinformatics Portal on the new Application Server in March. Together with our industry partner B.I.M.-Consulting mbH Magdeburg we integrated additional publicly available data of nine crop plants, e. g. sequence data of barley, wheat, potato, pea, tobacco, and rice as well as of *Arabidopsis thaliana* as a model plant, from external sources like NCBI Genbank, TIGR, and TAIR as well as of IPK-internal sources like CR-EST and SeqDB. The integration procedure is well documented and automated to enable a timely update of the data if one or more of the sources provide new data. This allows the integrative analysis of IPK-internal data, like marker data of barley, with public data, like the rice genome.

The integration of the Bioinformatics Group and the Plant Data Warehouse Group into the experimental environment at the IPK can be illustrated by the following examples. The **Pyrosequencing Database (PSQDB)** for the storage of pyrosequencing data from various organisms and different pyrosequencing projects and the subsequent integration of these data with sequence data, passport data, and characterisation and evaluation data in the Plant Bioinformatics Portal was developed in close cooperation with the Genome Diversity Group. The **Sequence Mapping eXplorer (SMeX)**, which enables the cluster-based detection of EST markers and supports the development of new markers, was developed together with the Genome Diversity Group. The synteny-based mapping of barley ESTs was enhanced and allows the mapping of about 30 % of the more than 400,000 publicly available barley ESTs with an accuracy of 5cM. Currently, a database for malting quality of summer barley is being developed in cooperation with the Gene and Genome Mapping Group to allow association studies. A pipeline for the normalisation, filtering, and analysis of expression data is being developed together with the Bioinformatics Group, the Expression Mapping Group, the Genome Diversity Group, the Transcriptome Analysis Group, and with the group of Prof. S. Posch, MLU Halle. It will be made available in the Plant Bioinformatics Portal in spring 2007.

With the automated TIGS-Screening system (cooperation with the Transcriptome Analysis Group) the first out of two sub-projects of the Pattern Recognition Group has been set

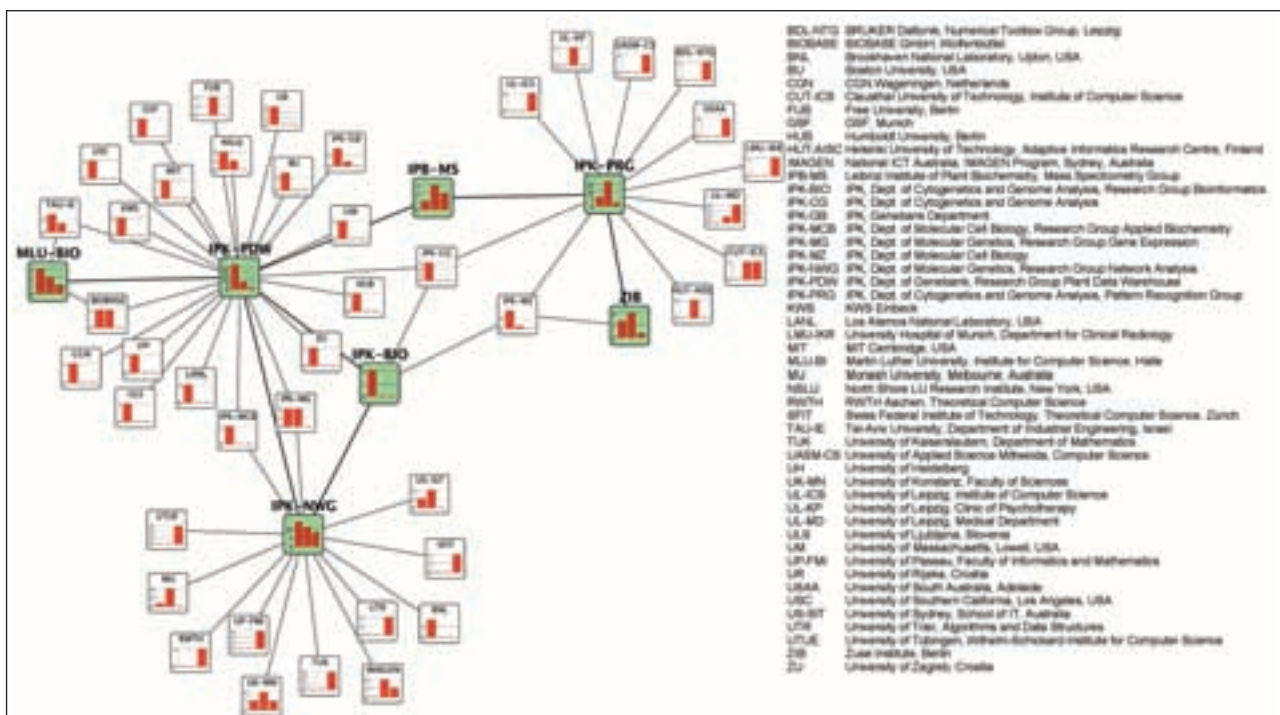


Fig. 44: Darstellung der Entwicklung des BIC-GH seit der Gründung Ende 2002. Die Abbildung zeigt das Publikationsnetzwerk und damit die wissenschaftliche Vernetzung, wobei jede Institution eines Mitautors als Knoten eines Netzwerks dargestellt ist. Innerhalb jedes Knotens zeigt die erste Säule die Zahl der Veröffentlichungen in Zeitschriften, die zweite Säule die Anzahl referierter Beiträge in Konferenzbänden und die dritte Säule die Zahl der Buchkapitel und eingeladenen Veröffentlichungen. Zwischen nicht dem BIC-GH angehörigen Mitautoren wurden keine Verbindungen dargestellt. Die Liste der Abkürzungen der korrespondierenden Institutionen ist in alphabetischer Ordnung dargestellt.

Development of the BIC-GH since it started end of 2002. Good markers for successful research are publication rates and scientific networking. The picture below shows the publication network that evolves if the institutions of all the coauthors occur as nodes of a graph. The first bar shows the number of publications in journals, the second bar for peer reviewed conference submissions and the third bar shows the number of book chapters and invited publications. No edges were drawn between non BIC-GH co-authors. The list of abbreviations of the corresponding institutions is listed at the side in alphabetical order.

zung, Genomdiversität und Transkriptomanalyse sowie mit der Arbeitsgruppe von Prof. S. Posch, MLU Halle, weiterentwickelt und soll im Frühjahr 2007 im Plant Bioinformatics Portal öffentlich verfügbar gemacht werden.

2006 wurde mit der erfolgreichen Inbetriebnahme des automatisierten TIGS-Screenings (Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse) im ersten von zwei in der Arbeitsgruppe Mustererkennung angesiedelten BIC-GH-Teilprojekten eine praktische Umsetzung realisiert. Nach erfolgreichem Testbetrieb befindet sich das System, bestehend aus jeweils automatisierter Probenvorhaltung (gegenwärtig bis zu acht Probenträger), Mikroskopsteuerung und Bildaufnahme sowie Bildanalyse mit Auswertungsstatistik, mittlerweile im Produktivbetrieb. Darüber hinaus wurde die Anbindung an eine Bilddatenbank gemeinsam mit der Arbeitsgruppe Bioinformatik umgesetzt. Im Rahmen der 3D/4D-Modellierung sich entwickelnder Gerstensamen wurden zwei weitere Verbundprojekte (DFG, BMBF), die über die Laufzeit des BIC-GH hinausgehen, in diesem Jahr bewilligt. Weiterhin konnte ein Projekt aus dem „IPK-Ideenwettbewerb 2006“ zur verbesserten Analyse von HPLC-Daten (Kooperation mit der Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie) eingeworben werden.

Begünstigt durch die enge Zusammenarbeit der Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse mit allen anderen Gruppen des

into operation within the report period. After successful test runs, the system, composed in each case of automated slide supply (currently up to eight slides), microscope control and image acquisition as well as image analysis including final statistics, has commenced productive operations. Furthermore, the system has been linked to an image database (joint work with the Bioinformatics Group). In the field of 3-D/4-D modelling of developing barley seeds two more joint follow-up projects (DFG, BMBF) were granted this year. Moreover, one in-house („IPK Ideenwettbewerb 2006“) project of advanced analysis of HPLC data (cooperation with the Applied Biochemistry Group) was approved.

Supported by close collaboration by the Network Analysis Group with all groups of the Bioinformatics Centre and diverse experimentally working Groups at the IPK the development of new analysis methods and tools made significant progress in 2006. In cooperation with the Bioinformatics Group and the Plant Data Warehouse Group the information system Meta-All for metabolic processes was developed. Meta-All represents these processes in a resolution not achieved in other systems, and is able to represent information about metabolic pathways, reaction kinetics, localisation, transport, environmental conditions and taxonomic relations. It supports the direct export of structural and kinetic models in the standard exchange format SBML by which these can be analysed and simulated with different

BIC-GH und verschiedenen experimentellen Gruppen am IPK konnten bei der Entwicklung neuer Analysemethoden und -werkzeuge 2006 große Fortschritte erzielt werden. So wurde gemeinsam mit den Arbeitsgruppen Bioinformatik und Plant Data Warehouse das Informationssystem Meta-All für metabolische Prozesse entwickelt, welches diese in einer Auflösung repräsentiert, die in anderen Systemen nicht erreicht wurde. So können mit Meta-All Informationen über Stoffwechselwege, Reaktionskinetiken, Lokalisation von Prozessen, Transport, Umgebungsbedingungen und taxonomischen Beziehungen verwaltet werden. Das System erlaubt den direkten Export von strukturellen und kinetischen Modellen im Standardaustauschformat SBML, wodurch diese mit verschiedenen Werkzeugen analysiert und simuliert werden können. Für den am IPK wichtigen Modellorganismus Gerste wurde mit der Erstellung eines Modells des Zentralstoffwechsels begonnen. In Zusammenarbeit mit den Arbeitsgruppen Genexpression, Angewandte Biochemie und Molekulare Pflanzenphysiologie wurden Methoden zur Analyse und Visualisierung unterschiedlicher 'omics'-Daten im Kontext biochemischer Netzwerke und funktioneller Hierarchien weiterentwickelt. Diese neuen Verfahren stehen im VANTED-System frei zur Verfügung und werden nicht nur innerhalb des IPK, sondern auch von externen Kooperationspartnern und anderen Wissenschaftlern zur Datenanalyse genutzt. Gemeinsam mit der Arbeitsgruppe Mustererkennung wurden Methoden zur Datenvisualisierung weiterentwickelt. Weitere wichtige Ergebnisse sind neue Entwicklungen zur Modellierung und Simulation von Stoffwechselprozessen (die bei der Entwicklung von Modellen helfen und damit zukünftig beispielsweise tiefere Einblicke in den Stärkestoffwechsel im Gerstensamen liefern sollen), Arbeiten zur Untersuchung der Struktur biologischer Netzwerke (die in einem neuartigen, auf biologische Netzwerke abgestimmten Bewertungsalgorithmus resultieren und bei der Prognose von Netzwerkeigenschaften helfen), sowie neue Visualisierungs- und Explorationsmethoden (welche das Verständnis komplexer Netzwerke unterstützen und beispielsweise in KGML-ED, einem System zur Exploration und Veränderung von KEGG-Pathways, implementiert wurden).

Viele der in das Plant Bioinformatics Portal integrierten Anwendungen sind sehr rechenintensiv. Daher wurden zwei Anwendungen entwickelt, die es ermöglichen, im Plant Bioinformatics Portal integrierte Anwendungen auf dem BIC-GH Linux Cluster am IPK zu starten. Zum einen wurde durch die Arbeitsgruppe von Prof. S. Posch, MLU Halle, und die Arbeitsgruppe Plant Data Warehouse ein Modul für den **VOMBAT** Server zur Vorhersage von Transkriptionsfaktorbindungsstellen entwickelt, zum anderen wurde durch die Arbeitsgruppen Bioinformatik und Plant Data Warehouse das **Cluster Execution Framework (CEF)** entwickelt. Eine erste lauffähige Version des CEFs, das u. a. die Berechnung von optimalen lokalen Alignments mittels *Blast* und die Erkennung von Sequenzmustern mittels *EMMA* auf dem Linux Cluster ermöglicht, ist seit Dezember 2006 in Betrieb. Neben der Benutzung über ein webbasiertes grafisches User

tools. For barley as an important model organism at the IPK the development of a model of the central metabolism was started. Together with the Gene Expression Group, the Applied Biochemistry Group, and the Molecular Plant Physiology Group, methods for the analysis and visualisation of diverse 'omics' data in the context of biochemical networks and functional hierarchy were further developed. These algorithms are available in the freely accessible VANTED system and are used not only within the IPK, but also by external cooperation partners and other scientists to analyse their data. Together with the Pattern Recognition Group methods for data visualisation were developed. Other important results are new developments for the modelling and simulation of metabolism processes (which should assist in the creation of models and therefore enable in future, for instance, deeper insights into the starch metabolism in the barley seed), work to investigate the structure of the biological networks (which result in a new algorithm for the assessment of biological networks and help in the prediction of network properties), as well as new visualisation and exploration methods (which support the understanding of complicated networks and were implemented, for instance, in KGML-ED, a system for the exploration and editing of KEGG pathways).

Many of the applications integrated into the Plant Bioinformatics Portal are computationally intensive. Hence, two applications were developed that enable the execution of computationally intensive applications on the BIC-GH Linux cluster directly from the Plant Bioinformatics Portal. First, a module for the **VOMBAT server**, which allows the prediction of transcription factor binding sites, was developed by the group of Prof. S. Posch, MLU Halle, and the Plant Data Warehouse Group. Second, the **Cluster Execution Framework (CEF)** was developed by the Bioinformatics Group and the Plant Data Warehouse Group, and a first version went into operation in December 2006. To list just two examples, the CEF can be used for computing optimal local alignments with *Blast* or for detecting sequence patterns with *EMMA*. It can be accessed either via a Web-based graphical user interface or via Webservices to ease the integration into other internal or external applications.

The BIC-GH groups were also involved in educational activities. They held lectures at the Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, the Otto-von-Guericke-University Magdeburg, the University of Dortmund, and the Anhalt University (FH) in Köthen. Dr. Falk Schreiber (Network Analysis Group) received his habilitation from the University of Passau. The first PhD thesis of the BIC-GH was successfully finished by Alexander Ihlow (Pattern Recognition Group) at the Otto-von-Guericke-University Magdeburg. Furthermore, the BIC-GH groups supervised eight diploma theses and three research projects of students from the Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, the Otto-von-Guericke-University Magdeburg, and the Technical University Harz.

interface wurden für *CEF* Webservices entwickelt, die eine Integration in andere interne und externe Anwendungen vereinfachen.

Neben der wissenschaftlichen Forschung beteiligten sich die BIC-GH-Gruppen an der Ausbildung von akademischem Nachwuchs. Dazu wurden Lehrveranstaltungen an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, der Universität Dortmund und der Hochschule Anhalt (FH) am Standort Köthen angeboten. Dr. Falk Schreiber (Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse) hat seine Habilitation an der Universität Passau erfolgreich abgeschlossen. Weiterhin wurde die erste Dissertation im Rahmen des BIC-GH von Alexander Ihlow (Arbeitsgruppe Mustererkennung) an der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg erfolgreich verteidigt. Weiterhin wurden acht Diplom- und drei Projektarbeiten von Studierenden der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg und der Hochschule Harz (FH) erfolgreich abgeschlossen.

Das BIC-GH beteiligte sich an der Gestaltung der ‚Langen Nacht der Wissenschaften‘ an der Martin-Luther-Universität in Halle am 14. Juli 2006 sowie der ‚European Summer School on Plant Genomics and Bioinformatics‘, die im Rahmen der PlantMetaNet-Initiative (<http://www.plantmetanet.de>) vom 20. bis 29. September 2006 am Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm stattfand. Weiterhin wurden durch das BIC-GH am 7. Juli 2006 ein Miniworkshop zum Thema ‚Optimal Reconstruction of Permuted Markov Models and Bayesian Networks‘ in Halle, vom 5. bis 6. Oktober 2006 die Klausurtagung des BIC-GH in Wittenberg und vom 4. bis 6. Dezember 2006 ein internationaler Workshop zum Thema ‚Data Warehouse Technologies in Bioinformatics‘ (DWTB2006) in Wittenberg organisiert.

Udo Seiffert, Falk Schreiber, Ivo Große, Uwe Scholz,
Januar 2007

The BIC-GH groups participated in the ‚Lange Nacht der Wissenschaften‘ of the Martin-Luther-University in Halle on July 14 and in organising the ‚European Summer School on Plant Genomics and Bioinformatics‘ in the framework of PlantMetaNet initiative (<http://www.plantmetanet.de>) at the Max Planck Institute for Molecular Plant Physiology in Golm from September 20 through 29. The BIC-GH also organised a mini workshop on ‚Optimal Reconstruction of Permuted Markov Models and Bayesian Networks‘ in Halle on July 7, the annual convention of the BIC-GH in Wittenberg on October 5 and 6, and an international workshop on ‚Data Warehouse Technologies in Bioinformatics‘ (DWTB2006) in Wittenberg from December 4 through 6.

Udo Seiffert, Falk Schreiber, Ivo Große, Uwe Scholz,
January 2007

Kolloquien und Seminare/ Colloquia and Seminars

Gatersleben Lectures

17. Januar 2006

Dr. R. Schmidt, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Genome Structure and Function Group, Golm, Germany: Monitoring transgene silencing in *Arabidopsis* – a broadly applicable, non-invasive and sensitive system.

20. Februar 2006

Prof. M. Caboche, INRA, Seed Biology Laboratory, Versailles, France: Functional genomics: tracking gene function in higher plants.

21. Februar 2006

Dr. A. Roscher, Université de Picardie, Génie Enzymatique et Cellulaire, Amiens, France: ¹³C NMR studies of carbon fluxes in developing oilseeds.

27. Februar 2006

F. Arcand, ERA Plantech, Barcelona Science Park, Barcelona, Spain: Increasing the productivity of plant based biopharmaceuticals and protein based products.

13. März 2006

Prof. W. Junge, Universität Osnabrück, Department of Biology and Chemistry, Division of Biophysics, Osnabrück, Germany: Nanomechanics of rotary ATP synthase.

14. März 2006

Prof. T. Hohn, University of Basel, Institute of Botany, Basel, Switzerland: Silencing and rousing of caulimo- and geminiviruses.

21. März 2006

Prof. G. Theißen, Friedrich-Schiller-Universität Jena, Department of Genetics, Jena, Germany: The ABCs of flower development in *Arabidopsis*, rice and maize: a MIKC blessing.

11. April 2006

Prof. K. Schneitz, Entwicklungsbiologie der Pflanzen, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Technische Universität München, Germany: Shaping beauty: the genetic regulation of floral organogenesis.

25. April 2006

Prof. W. Martin, Heinrich-Heine Universität, Institut für Botanik III, Düsseldorf, Germany: Endosymbiotic gene transfer and the prokaryote-to-eukaryote transition.

4. Mai 2006

Prof. M. Zhang, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, USA: Mammalian epigenomics and genomic methylation landscape.

22. Mai 2006

Dr. R. A. Torres Ruiz, Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Lehrstuhl für Genetik, Freising, Germany: Genes controlling cotyledon number and development.

29. Mai 2006

Prof. N. Jones, University of Wales, Institute of Biological Sciences, Aberystwyth, UK: McClintock's controlling elements: the full story.

30. Mai 2006

Prof. B. Keller, University of Zurich, Institute of Plant Biology, Zurich, Switzerland: Comparative genomics approaches to study diversity and evolution of Pm3 powdery mildew resistance genes in wheat.

1. Juni 2006

Prof. K. Ammann, University of Berne, Botanical Garden, Berne, Switzerland: Lets make peace between organic and biotech farming.

6. Juni 2006

Prof. A. D. Shutov, State University of Moldova, Laboratory of Protein Chemistry, Kishinev, Republic Moldova: Storage globulins: evolution and structure-function relation.

30. Juni 2006

Prof. K. Krupinska, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Botanisches Institut, Kiel, Germany: Molecular and cellular analysis of barley leaf senescence.

6. Juli 2006

Dr. W. Weckwerth, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Integrative Metabolomics and Proteomics, Golm, Germany: Metabolomics and proteomics - major tools in plant systems biology.

11. Juli 2006

Prof. L. Beerhues, Technische Universität Braunschweig, Institute of Pharmaceutical Biology, Braunschweig, Germany: Pharmacological activities and biosynthetic pathways of secondary products from *Hypericum perforatum*.

18. Juli 2006

Prof. T. Altmann, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Developmental Physiology and Genomics, Golm, Germany: Association- and QTL-analyses of biomass accumulation and heterosis in *Arabidopsis thaliana*.

29. August 2006

Dr. W. Dröge-Laser, Georg-August-Universität Göttingen, Albrecht-von-Haller-Institut, Göttingen, Germany: The *Arabidopsis* C5 bZIP transcription factor network is reprogramming gene expression during seed development, stress response and senescence.

13. September 2006

Dr. P. Chandler, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO), Plant Industry, Canberra, Australia: Gibberellin mutants of barley and grain biology.

15. September 2006

Prof. S. Chen, University of Florida, Department of Botany, Gainesville, Florida, USA: Systems biology in plant glucosinolate research.

29. September 2006

Prof. I. T. Baldwin, Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie (MPICOE), Jena, Germany: The many flavors of function; understanding the function of plant genes in a real-world context.

6. November 2006

Prof. P. F. Stadler, Universität Leipzig, Lehrstuhl für Bioinformatik, Institut für Informatik, Leipzig, Germany: RNAs everywhere: genome-wide annotation of structured RNAs.

7. Dezember 2006

Dr. D. Ware, Computational Biologist, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service U.S. Plant, Soil and Nutrition Research Center: Cereal genome organization and dynamics, what do we know and how can this help us?

19. Dezember 2006

Dr. C. Caranta, INRA-UGAFL, Montfavet Cedex, France: Translation initiation: kingpin in plant resistance against RNA viruses.

Abteilungsseminare/ Seminars of the Departments Vavilov- und PGRC-Seminare/ Vavilov- and PGRC-Seminars

25. Januar 2006

Dr. R. K. Varshney, International Crops Research Institute for Semi Arid Tropics (ICRISAT), Patancheru, India: Genomics strategies for crop improvement in semi-arid tropics: introduction and prospects.

16. Februar 2006

Dr. T. A. Pshenishnikova, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russia: Combining cytogenetic and molecular approaches for studying morphological, biochemical and grain quality traits in common wheat.

8. März 2006

Dr. D. Fischer, Array-On, Gatersleben und Dr. E. R. J. Keller, IPK, Abteilung Genbank, Gatersleben: SNP - molecular markers help managing the genebank. First steps for vegetatively maintained germplasm.

9. März 2006

Dr. R. Thomann, Institut für Getreideverarbeitung GmbH (IGV), Nachwachsende Rohstoffe/Lebensmitteltechnologie, Bergholz-Rehbrücke, Germany: Erkenntnisse aus der Bearbeitung eines EU-CRAFT-Projektes zu Anbau und Verarbeitung von Leinsaat, speziell zu lignanreichen Produkten.

22. März 2006

E. Achigan-Dako, IPK, Abteilung Genbank, Gatersleben, Germany: Chasing around the cucurbits diversity in the phytoregions of West Africa.

23. März 2006

D. Schulte, Christian-Albrechts-Universität, Kiel: Physical mapping of a wild beet (*Beta pombens*) translocation in sugar beet for cloning the second nematode resistance gene Hs 1-1.

5. April 2006

Dr. M. Molnár-Láng, Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Martonvasar, Hungary: Production and molecular cytogenetic identification of wheat/barley and wheat/*Aegilops biuncialis* hybrids, addition and translocation lines.

19. April 2006

Dr. N. Tikhenko, St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia: Genetic study of embryo lethality in wheat-rye hybrids.

26. April 2006

Dr. S. Chebotar, South Plant Biotechnology Centre, Odessa, Ukraine: The Ukrainian bread wheat gene pool - genetic and molecular characterisation and evaluation.

27. April 2006

Dr. R. Cripps, Micropropagation Unit, Royal Botanic Gardens Kew, Richmond, Surrey, UK: Gene banking at Royal Botanic Gardens Kew.

3. Mai 2006

Dr. K. Esfeld, Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart (SMNS), Stuttgart, Germany: The process of speciation: evidences from an adaptive radiation.

10. Mai 2006

Dr. C. Ritz, Institut für Spezielle Botanik der Friedrich-Schiller-Universität, Jena, Germany: Evolution of dogroses (*Rosa* L. sect. *Canine* (DC.) Ser.).

17. Mai 2006

Dr. S. Crockett, Karl-Franzens-University, Department of Pharmacognosy, Graz, Austria: The genus *Hypericum*: Beyond the Common St. John's Wort (*H. perforatum*).

21. Juni 2006

Prof. S. Farooq, Nuclear Institute for Agriculture and Biology, Faisalabad, Pakistan: Salt tolerance in Triticeae: Current situation and future prospects.

3. Juli 2006

Dr. T. Schnurbusch, Adelaide Center of Plant Functional Genomics, Adelaide, Australia: Chasing abiotic stress tolerance loci in wheat.

21. August 2006

Prof. U. Schurr, Forschungszentrum Jülich, ICG-III: Phytosphäre, Jülich, Germany: Plant phenomics: non-invasive methods for rapid and detailed plant phenotyping.

6. September 2006

D. Görlitz, Chemnitz: Die Anfänge der Landwirtschaft in Mexiko: Die Theorie der unabhängigen Entwicklung im Lichte neuer Forschungen.

19. Oktober 2006

Dr. S. M. H. Rizvi, UR Génétique et Ecophysiologie des Légumineuses, Centre de Recherches, INRA-DIJON, Bretenieres, France: Successful validation of a major pearl millet drought tolerance QTL.

25. Oktober 2006

A. Kaczmarczyk, IPK, Abteilung Genbank, Gatersleben, Germany und Y. Lupysheva, Vavilov All-Russian Institute of Plant Industry (VIR), St. Petersburg, Russia: Cryopreservation of potato: preliminary results with different precultures.

7. November 2006

Dr. N. Pecchioni, Università di Modena e Reggio Emilia, Facoltà di Agraria, Reggio Emilia, Italy: The 'Nure' × 'Tremois' model for discovering loci for environmental adaptation in barley.

8. November 2006

R. Schneeweiß, Institut für Getreideverarbeitung GmbH (OGV), Nachwachsende Rohstoffe/Lebensmitteltechnologie, Bergholz-Rehbrücke: Die Möglichkeiten des IGV zur Bewertung inhaltsstofflicher und Verarbeitungseigenschaften von Getreide – mit Beispielen aus der Erntebewertung von Roggen und Weizen.

21. November 2006

N. Rukhkyan, Genebank of National Academy of Sciences of Armenia, Yerevan, Republic of Armenia: Plant Genetic Resources of Armenia.

13. Dezember 2006

K. Ghiashvand Ghiasi, Universität Hohenheim, Seed Science and Technology, Stuttgart, Germany: Der Einfluss von Ölgehalt und Fettsäuremuster auf die Lagerfähigkeit von Saatgut.

Vavilov- Vortragsabende/ Vavilov Evening Lectures

25. Januar 2006

Prof. M. Fischer, Dresden, Germany: Zwischen scharfen Sachen und wilden Tieren: Gewürzinsel Sansibar (Tansania-Serengeti, Ngorogoro-Krater, Lake Manjaro).

23. Mai 2006

Prof. R. Melzer, Senior Experten Service, Bonn, Germany: Frühling in Bangladesh: 1000 km durch ein tropisches Monsunland.

3. November 2006

Dr. R. Fritsch, IPK, Abteilung Genbank, Gatersleben, Germany: Botanische Reisen in den Nordprovinzen des Iran.

Genetische Seminare/ Genetics Seminars

28. Februar 2006

Dr. K. Richert-Pöggeler, University of Basel, Botanical Institute, Basel, Switzerland: Endogenous pararetroviruses shaping the plant genome: integration, induction and control.

6. März 2006

Prof. J. Maron, University of Montana, Division of Biological Sciences, Missoula, MT, USA: The role of contemporary evolution in exotic plant invasions.

14. März 2006

Dr. U. Gehling, Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf, Germany: Adult stem cells and their potential for use in regenerative medicine.

3. April 2006

Dr. M. Curtis, Institute of Plant Biology, Zurich, Switzerland: Is this the road to apomixis?

24. April 2006

Dr. G. Barcaccia, University of Padova, Padova, Italy: Elements of apomixis in alfalfa (*Medicago sativa* L.): cytological mechanisms, molecular markers and candidate genes for apomeiosis.

5. Mai 2006

Dr. S. Cohen, Tel Aviv University, Dept. Molecular Microbiology & Biotechnology, Tel Aviv, Israel: Extrachromosomal DNA circles in eukaryotes: who are they and how are they formed?

8. Mai 2006

Dr. A. Heidel, Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena, Germany: Glucosinolate quantitative genetics and natural variation.

23. Mai 2006

Prof. M. Koch, Ruprecht-Karls-Universität, Heidelberger Institut für Pflanzenwissenschaften, Heidelberg, Germany: Suture zones and hybridization in wild relatives of *Arabidopsis*: a summary from a worldwide screening of genetic diversity.

24. Mai 2006

Dr. K. Nagaki, Okayama University, Bioresources Research Institute, Kurashiki, Japan: Exploration into the last frontier of complex eukaryotic genomes: analyses of plant centromeres.

25. Juli 2006

Dr. S.-H. Nasuda, Kyoto University, Laboratory of Plant Genetics, Graduate School of Agriculture, Kyoto, Japan: Single-division meiosis in synthetic triploid wheat: atypical meiosis producing unreduced gametes.

11. September 2006

J. Grob, Scientist Propagation of High Value Trees, Weyerhaeuser Company, Federal Way, WA, USA: Conifer embryogenesis and seed development as biological and developmental system.

12. September 2006

Dr. P. Chandler, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization, Plant Industry, Canberra, Australia: Gibberellin regulation of growth in barley: mutants in GA biosynthesis, GA perception and signal transduction.

17. Oktober 2006

Dr. T. Nomura, Kyoto University, Kyoto, Japan: Biosynthesis of defensive secondary metabolites, benzoxazinones, in wheat.

19. Oktober 2006

Prof. H. de Jong, Wageningen University, Laboratory of Genetics, Wageningen, The Netherlands: Cytogenetics of reverse breeding strategies.

23. Oktober 2006

Dr. E. Wegel, John Innes Centre, Norwich, UK: A close look at the avenacin biosynthesis pathway in oats: shining a light on genes and transcripts.

29. November 2006

Dr. B. Usadel, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm, Germany: MapMan tools to visualize, analyze and interpret high throughput data.

Zellbiologische Seminare/ Cell Biology Seminars

29. Juni 2006

Prof. H. Kneifel, Forschungszentrum Jülich, Biotechnologie-Institut, Jülich, Germany: Determination of various compounds from shikimate pathway in tobacco plants exposed to ozon.

12. Juli 2006

Prof. K. Baronian, Christchurch Polytechnic Institute of Technology, Christchurch, New Zealand: Biofuel cells; structure, function and potential for use in waste treatment.

7. Dezember 2006

Dr. E. von Roepenack-Lahaye, Institut für Pflanzenbiochemie, Halle/S., Germany: Metabolite dynamics under stress conditions and changing environments. - Profiling of plant secondary metabolites using capillary liquid chromatography coupled to electrospray ionization quadrupole time-of-flight mass spectrometry.

Waterman-Seminare/ Waterman Seminars

15. Februar 2006

Dr. P. Krüger, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm, Germany: Normalization methods for the analysis of affymetrix gene chip data and their implementation at the MPI for Molecular Plant Physiology.

15. Februar 2006

Dr. D. Walther, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm, Germany: Transcript correlation networks in stress response experiments.

27. März 2006

Dr. M. Schulz, Universität zu Köln, Köln, Germany: Simultaneous graph embeddings with fixed edges.

26. Juni 2006

Dr. R. Castelo, Pompeu Fabra University, Department of Health and Experimental Sciences, Barcelona, Spain: Functional sites identification in DNA sequences with inclusion-driven learned Bayesian networks.

4. Juli 2006

F. Centler, Jena Centre for Bioinformatics, Jena, Germany: Identifying the large scale organization of complex biological networks.

10. Juli 2006

Dr. J. Cerquides, University of Barcelona, Volume Visualization and Artificial Intelligence Research Group, Barcelona, Spain: Averaging Tree Augmented Naive Bayes classifiers.

14. Juli 2006

Prof. M. Chen, Zhejiang University, College of Life Sciences, Hangzhou, China: Systems analysis of biopathways.

30. August 2006

Dr. A. Masoudi-Nejad, University of Teheran, Department of Bioinformatics, Institute of Biochemistry and Biophysics (IBB), Teheran, Iran: EGENES & EGASSEMBLER – Transcriptomic-based plant database of genes with metabolic pathway information and EST and genomic sequence assembler porta.

27. September 2006

Dr. U. Feldkam, Universität Dortmund, Dortmund, Germany: Computer-aided DNA sequence design for programmable self-assembly.

28. September 2006

Dr. S. Hong, University of Sydney and NICTA, Sydney, Australia: Visualisation and analysis of large and complex networks.

2. November 2006

Dr. A. Zien, Friedrich-Miescher-Laboratorium der Max-Planck-Gesellschaft, Tübingen, Germany: ARTS: Accurate Recognition of Transcription Starts in Human.

17. November 2006

Prof. K.-U. Sattler, Technische Universität, Ilmenau, Germany: Data quality: problems, challenges, and techniques.

6. Dezember 2006

S. Mirschel, Max-Planck-Institut für Dynamik komplexer technischer Systeme, Magdeburg, Germany: Adaptive and interactive visualization of complex biological networks.

15. Dezember 2006

Prof. W. Kurth, Brandenburgische Technische Universität, Cottbus, Germany: A graph-grammar approach towards functional-structural plant modelling.

15. Dezember 2006

Dr. G. Buck-Sorlin, Brandenburgische Technische Universität, Cottbus und Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben: Toward "Virtual barley": relational growth grammars as a universal framework for rule-based hierarchical modelling of morphogenesis, plant function, regulatory networks, and genetic processes.

15. Dezember 2006

B. Burema, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands: *Arabidopsis siliciana*, shade avoidance response in a virtual model plant.

Wissenschaft trifft Wirtschaft/ Science meets Business

10. Mai 2006

Dr. R. Watzke, AMYkor GmbH, Wolfen, Germany: AMYkor = Aktive Mykorrhiza - mittelständisches Biotech-Unternehmen platziert sich am Markt.

3. Juli 2006

Dr. L. Kuntze, Nordsaat Saatzeit GmbH, Böhnshausen, Germany: Strategien und Ergebnisse der Züchtung von Weizen und Gerste – Entwicklung und Vermarktung der Sorten der Nordsaat Saatzeit GmbH.

14. September 2006

Dr. J. Lerchl, SunGene GmbH, Gatersleben, Germany: Innovate for growth: Building a sustainable research pipeline. An overview about R & D activities of BASF Plant Science and SunGene.

Vorträge und Poster/ Lectures and Posters

Eingeladene Vorträge auf internationalen Tagungen (Auswahl)/ Invited Lectures at International Conferences (Selection)

Vorträge/Lectures

- V1. BLATTNER, F.R.: Chloroplast phylogenies: cases where genealogies are superior to phylogenetic trees. – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.-28.09.2006 (25.09.2006).
- V2. DOUCHKOV, D., W. DONG, D. NOWARA, A. HIMMELBACH & P. SCHWEIZER (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): A high-throughput phenomics screen reveals genes required for durable disease resistance in barley. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006 (21.09.2006). Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. PMI-ST-2, p. 104.
- V3. DWYER, T., S.-H. HONG, D. KOSCHÜTZKI, F. SCHREIBER & K. XU (vorgetragen von KOSCHÜTZKI, D.): Visual analysis of network centralities. – Asia Pacific Symposium on Information Visualisation 'APVIS 2006', Tokyo/Japan, 01.–03.02.2006 (03.02.2006).
- V4. GRANER, A.: Association mapping in barley using a candidate gene approach – limitations and prospects. – EUCARPIA Cereal Section meeting 'Cereal science and technology for feeding ten billion people: genomics era and beyond', Lleida/Spain, 13.–17.11.2006 (16.11.2006).
- V5. HOUBEN, A., D. GERNAND, T. RUTTEN, F. MATZK & R. PICKERING (vorgetragen von HOUBEN, A.): Selective chromosome elimination in embryos of interspecific crosses. – Second Congress of the International Cytogenetics and Genome Society, Canterbury/UK, 25.–29.06.2006 (27.06.2006).
- V6. KUMLEHN, J.: *Agrobacterium*-mediated transformation of androgenetic pollen cultures of barley and its employment in fundamental and applied research. – International Congress 'Haploids in Higher Plants III', Vienna/Austria, 12.–15.02.2006 (15.02.2006).
- V7. POTOKINA, E., M. PRASAD, A. WINTER & A. GRANER (vorgetragen von GRANER, A.): Genomics assisted breeding for improved malting quality in barley. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006 (16.01.2006).
- V8. Rolletschek, A.: Analysis of pancreatic differentiation by transcriptional profiling of differentiating mouse embryonic stem cells *in vitro*. – 46th ETCS Meeting and 3rd International Joint Meeting '*In vitro* Cytotoxicity Mechanisms', Verona/Italy, 26.–29.03.2006 (29.03.2006).
- V9. SCHUBERT, I.: Tracing evolution and interphase organization of plant chromosomes by means of chromosome painting. – 52. Congresso Brasileiro de Genética and 12. Congreso de la Asociación Latinoamericana de Genética, Foz do Iguacu/Brasília, 03.–06.09.2006 (06.09.2006).
- V10. SCHWEIZER, P.: A large-scale RNAi approach to durable disease resistance in barley. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006 (14.01.2006).
- V11. SCHWEIZER, P.: Functional genomics in barley. – European Science Foundation (ESF) Conference 'Crop Genomics, Trait Analysis and Breeding', Hinxton/UK, 08.–12.11.2006 (09.11.2006).
- V12. SHARBEL, T. & E. ALBERTINI (vorgetragen von SHARBEL, T.): The possible role of epigenetic effects on apomictic seed development in plants. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006 (17.01.2006).
- V13. SHARBEL, T.F.: Strategies for associating molecular markers and apomixis factors in *Hypericum perforatum* and *Boechea holboellii*. – Plant Genetics Conference, Beckman Seminar, Kiel, 20.–23.09.2006 (22.09.2006). Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. Beckman Seminar, p. 233.
- V14. GREENIVASULU, N.: Genomic approaches to unravel complex traits during seed development. – 93rd Indian Science Congress, Hyderabad/India, 03.–07.01.2006 (06.01.2006).
- V15. STEIN, N.: Towards a physical map of the barley genome: a European initiative in an international context. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006 (14.01.2006).
- V16. STEIN, N.: Cereal genome colinearity revisited – advances through Triticeae genomics. – EUCARPIA International Symposium on Rye Breeding and Genetics, Groß Lüsewitz, 28.–30.06.2006 (30.06.2006).
- V17. STEIN, N., S. STRACKE, P. AZHAGUVEL, D. PEROVIC, F. ORDON & A. GRANER (vorgetragen von GRANER, A.): Towards genomics-assisted utilization of genetic resources for barley improvement. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006 (22.09.2006). Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTP-IT-ST-1, p. 133.
- V18. WEBER, H. & R. RADCHUK (vorgetragen von WEBER, H.): Modulating seed protein metabolism using transgenic approaches: effect of improved nutrient status on regulatory networks in seeds. – 3rd International Conference on Legume Genomics and Genetics, Brisbane/Australia, 09.–13.04.2006 (12.04.2006).
- V19. WOBUS, A.M.: How to culture mouse ES cells and differentiate ES-derived cardiomyocytes. – 26th Meeting of the European Section of the International Society for Heart Research, Manchester/UK (16.06.2006).
- V20. WOBUS, A.M.: Differentiation mechanisms in embryonic stem cells. – ESF-EMBO Symposium 'Stem Cells in Tissue Engineering – Isolation, Culture, Characterisation and Applications', Sant Feliu de Guixols/Spain, 28.10.–02.11.2006 (29.10.2006).
- V21. WOBUS, U.: Understanding plant seed development to aid seed biotechnology. – BIOMonterrey 2006, International Biotechnology Congress and Exhibition, Monterrey/Mexico, 20.–24.09.2006 (21.09.2006).

Weitere Vorträge

- V22. ACHIGAN-DAKO, E.G.: Cucurbit vegetables of West Africa. – Indigenous Vegetable Networking Meeting, Dakar/Senegal (25.07.2006).
- V23. ACHIGAN-DAKO, E.G.: Diversity of cucurbits in the phytogeographic regions of West Africa and internal transcribed spacer phylogenetic relationships among species. – Kolloquium International Institute of Tropical Agriculture, Cotonou/Benin (24.08.2006).
- V24. ACHIGAN-DAKO, E.G.: Effect of silica gel, sun drying, and storage conditions on viability of egusi (Cucurbitaceae) seeds. – Indigenous Vegetables Networking Meeting, Kisumu/Kenya (01.10.2006).
- V25. ACHIGAN-DAKO, E.G.: Diversity of cucurbits in the phytogeographic regions of West Africa. – Indigenous Vegetable Networking Meeting, Dakar/Senegal (25.07.2006).

- graphic regions of West Africa and internal transcribed spacer phylogenetic relationships between species. – Botanisches Kolloquium National Herbarium of the Netherlands, University Wageningen, Wageningen/The Netherlands (22.11.2006).
- V26. ACHIGAN-DAKO, E.G.: The evolution of the ribosomal ITS sequences supports the new upgrading of the Luffinae subtribe and the relocation of the Cucumerinae. – Young Botanists Day, Catholic University of Leuven, Leuven/Belgium (24.11.2006).
- V27. ALTSCHMIED, L.: Expressed sequence tags from sexual and parthenogenetic egg cells - an entry into the investigation of egg-cell specific functions. - Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V28. AMME, S., H.-P. MOCK, C. HEDTMANN, T. RUTTEN & A. MATROS (vorgetragen von AMME, S.): Proteomics and secondary metabolic profiling to elucidate functions of tobacco leaf trichomes. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V29. BALINT, A.F.: Mapping of loci influencing the copper tolerance and shoot Cu, Fe, Mn and Zn concentrations of wheat. – Vortrag, Promotionsverteidigung, University of Szeged, Szeged/Hungary (23.02.2006).
- V30. BALINT, A.F., A. VAGUJFALVI, F. SZIRA, A. BÖRNER, L. CATTIVELLI, J. DUBCOVSKY & G. GALIBA (vorgetragen von GALIBA, G.): QTLs and genes for abiotic stress tolerance in cereals: their general role in the environmental adaptation and their developmental stage specificity. – EUCARPIA Cereal Section meeting 'Cereal science and technology for feeding ten billion people: genomics era and beyond', Lleida/Spain, 13.–17.11.2006 (15.11.2006).
- V31. BALINT, A.F., F. SZIRA, K. NEUMANN, G. GALIBA & A. BÖRNER (vorgetragen von BALINT, A.F.): Identification of QTLs affecting drought tolerance at different developmental stages in the Oregon-Wolfe-Barley mapping population. – PlantResource Meeting, Gatersleben (12.12.2006).
- V32. BANAEI, A., F. METTE & A. HOUBEN (vorgetragen von BANAEI, A.): Heterosis and the role of epigenetic modification in regulation of gene expression. - Symposium 'Heterosis in plants', Potsdam-Golm, 18.–20.05.2006 (20.05.2006).
- V33. BAUMLEIN, H.: A putative regulator of cell differentiation. – Gregor Mendel Institut, Vienna/Austria (13.06.2006).
- V34. BAUMLEIN, H.: ET factors as putative regulators of cambium derived differentiation. - Johann Wolfgang Goethe Universität, Frankfurt am Main (31.10.2006).
- V35. BLATTNER, F.R.: Networking it out – where genealogies out-compete phylogenetic trees. – 'Botany 2006' California State University, Chico/USA, 28.07.–02.08.2006 (30.07.2006).
- V36. BLATTNER, F.: Analysis of ecological adaptation in wild *Hordeum* species. - Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V37. BÖRNER, A.: Long-term conservation reproduction and evaluation of plant genetic resources at IPK genebank. – Einführungsseminar 'Nutzbarmachung von pflanzengenetischen Ressourcen als Beitrag der Ernährungssicherung', Gatersleben (09.01.2006).
- V38. BÖRNER, A.: Preservation of plant genetic resources for future generations. – Training course 'Development-orientated biotechnology', Biozentrum der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (09.02.2006).
- V39. BÖRNER, A. & V. KORZUN (vorgetragen von Börner, A.): Rye as a candidate for gene tagging in the Triticeae: a review. – EUCARPIA International Symposium on Rye Breeding and Genetics, Groß Lüsewitz, 28.–30.06.2006 (30.06.2006).
- V40. BÖRNER, A.: Molecular marker based genebank management – a case study for wheat. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V41. BRÜB, C., M. STRICKERT & U. SEIFFERT (vorgetragen von BRÜB, C.): Towards automatic segmentation of serial high-resolution images. – Workshop Bildverarbeitung für die Medizin, Hamburg, 19.–21.03.2006 (20.03.2006).
- V42. BRÜB, C. & U. SEIFFERT (vorgetragen von BRÜB, C.): Virtuelle 4-D-Modelle zur Beschreibung von Entwicklungsvorgängen in der Pflanzenzucht. – 9. IFF-Wissenschaftstage, Magdeburg, 21.–22.06.2006 (21.06.2006).
- V43. CONRAD, U.: Molecular farming and phytoantibodies. – Ph.D. course 'From basic science to applied plant biotechnology', Aalborg/Denmark, 03.–05.05.2006 (04.05.2006).
- V44. CONRAD, U.: Expression of protein-based biopolymers in plants: pros and cons. – Kurzvortrag, EPOBIO-Konferenz, Wageningen/The Netherlands, 22.–24.05.2006 (23.05.2006).
- V45. DEHMER, K.J.: Molecular markers for utilization and preservation of plant genetic resources. – InWEnt-Seminar, Gatersleben (10.01.2006).
- V46. DEHMER, K.J.: Die Teilsammlung Nord des IPK in Groß Lüsewitz und Malchow: Stand der Entwicklung und Perspektiven. – 78. Sitzung des Agrarausschusses des Landtages Mecklenburg-Vorpommern, Malchow (22.06.2006).
- V47. DEHMER, K.J.: Choosing the best of all (SSR primer set) worlds: selecting a universal, multiplexable primer kit for genotyping IPK's potato collections on a large scale. – EAPR/EUCARPIA Joint Section meeting: The Science of Selection: Potato Breeding Methodology for the 21st Century, Carlow/Ireland, 20.–22.11.2006 (20.11.2006).
- V48. DEHMER, K.J.: SSRs in potato - towards the development of universal primer kits for different objectives? – 3rd Meeting of the ECPGR Potato Working Group, Edinburgh/UK (05.12.2006).
- V49. DEHMER, K.J.: Status report on potato genetic resources in Germany. – 3rd Meeting of the ECPGR Potato Working Group, Edinburgh/UK (05.12.2006).
- V50. DEHMER, K.J. & T. SRETENović RAJIĆIĆ (vorgetragen von DEHMER, K.J.): Markergestütztes Erhaltungsmanagement der *Lolium*-Kollektion. – Minisymposium 'Zwischen Tradition und Fortschritt – die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben', Gatersleben, 14.–15.12.2006 (15.12.2006).
- V51. DITTBRENNER, A.: Biosystematic studies of *Papaver somniferum* L. (Papaveraceae). - Einführungsseminar 'Nutzbarmachung von pflanzengenetischen Ressourcen als Beitrag der Ernährungssicherung', Gatersleben (09.01.2006).
- V52. DITTBRENNER, A.: Untersuchungsmethoden zur intraspezifischen Systematik von *Papaver somniferum* L. (Papaveraceae). – Oberseminar Systematik, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (24.01.2006).
- V53. DITTBRENNER, A., A. BÖRNER & U. LOHWASSER (vorgetragen von DITTBRENNER, A.): Intraspecific diversity of *Papaver somniferum* L. (Papaveraceae) focussing on morphology and molecular analyses. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V54. ENDRESEN, D.T.F., J. BÄCKMAN, S. GAJJI & H. KNÜPFER (vorgetragen von ENDRESEN, D.T.F.): Exchange of germplasm datasets with PyWrapper/BioCASE. – Annual Meeting and Symposium of the Taxonomic Databases Working Group, St. Louis/USA, 15.–22.10.2006 (16.10.2006).
- V55. FLOB, D.: Expression of anti-HIV antibody-ELP fusion proteins in transgenic tobacco leaves and seeds. – Pharma-Planta WP4, Heidelberg, 20.–22.01.2006 (21.01.2006).
- V56. FLOB, D.: Evaluating ELP fusions for the production of recombinant anti-HIV antibodies in tobacco plants. – Pharma-Planta annual meeting, Aachen, 18.–20.04.2006 (20.04.2006).
- V57. FUCHS, J.: Flow cytometric analysis of plant genomes. – 2nd

- Sorter Stammtisch, Dresden (16.05.2006).
- V58. FUCHS, J., G. JOVTCHEV & I. SCHUBERT (vorgetragen von FUCHS, J.): Chromosomal distribution of histone methylation patterns in plants. – Arbeitsbesprechung der Forschungscluster, Halle/S. (06.11.2006).
- V59. GONZÁLEZ-MELENDI, P., C. RAMÍREZ, P.S. TESTILLANO, J. KUMLEHN & M.C. RISUENO (vorgetragen von GONZÁLEZ-MELENDI, P.): Dynamics and mechanism of the spontaneous diploidization in barley microspore embryogenesis: a 3D confocal approach. – Meeting on Gametic Embryogenesis, Vienna/Austria, 10.–11.02.2006 (10.02.2006).
- V60. GOTTWALD, S.: GABI-TILL-barley: complementing TILLING resources for barley. – 1st GABI-TILL Workshop, Gatersleben (19.06.2006).
- V61. GRANER, A.: An integrated approach to the genetic and functional dissection of malting quality in barley (GABI Malt). – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006 (22.02.2006).
- V62. GRANER, A.: Toward genomics-based strategies for the utilization of plant genetic resources. – Deutsch-Australischer Workshop, Canberra/Australia (13.03.2006).
- V63. GRANER, A.: DNA-markers: essential tools for genome research in crop plants. – BIC-GH Scientific Advisory Committee Meeting, Gatersleben (20.04.2006).
- V64. GRANER, A.: Die bundeszentrale *ex situ*-Genbank. – Öffentliche Sitzung der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, Gatersleben, 07.–08.06.2006 (08.06.2006).
- V65. GRANER, A.: Die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK. – 78. Sitzung des Agrarausschusses des Landtages Mecklenburg-Vorpommern, Malchow (22.06.2006).
- V66. GRANER, A.: Genomforschung bei Gerste (*Hordeum vulgare* L.): Vom Erkenntnisgewinn zur züchterischen Anwendung. – Seminarvortrag an der Universität Rostock, Rostock (22.06.2006).
- V67. GRANER, A.: Towards sequencing the barley genome. – ITMI Workshop/ACPGF Genomics Symposium, Victor Harbor/Australia, 27.–31.08.2006 (28.08.2006).
- V68. GRANER, A.: Functional diversity for malting quality in barley. – 'Plant nutrition meets plant breeding' First Joint Conference of the German Society for Plant Nutrition and the Research Centre Biotechnology & Plant Breeding, Universität Hohenheim, Stuttgart, 26.–28.09.2006 (27.09.2006).
- V69. GRANER, A.: Tagging quantitative traits in barley by association mapping. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V70. GRANER, A.: Nützliche Vielfalt – die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben. – Humboldt-Universität zu Berlin, Berlin (30.10.2006).
- V71. GRANER, A.: Die bundeszentrale *ex situ*-Genbank: Herausforderung und Chance. – Minisymposium 'Zwischen Tradition und Fortschritt – die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben', Gatersleben, 14.–15.12.2006 (14.12.2006).
- V72. GRAU, J., I. BEN-GEL, A. GOHR, A. KEL-MARGOULIS, S. POSCH & I. GROSSE (vorgetragen von GROSSE, I.): Prediction of eukaryotic transcriptional factor binding sites using Variable Order Markov models. – German Conference on Bioinformatics (GCB 06), Tübingen, 19.–22.09.2006 (20.09.2006).
- V73. GROSSE, I.: Recognition of DNA binding sites and network reconstruction with Variable Order Bayes nets. – Interdisziplinäres Zentrum für Bioinformatik, Leipzig (16.01.2006).
- V74. GROSSE, I.: VOMBAT: Recognition of transcription factor binding sites with Variable Order Bayesian Trees. – Annual Meeting of the Trilateral Project ArabidoSeed, Gatersleben, 18.–20.02.2006 (20.02.2006).
- V75. GROSSE, I.: Data integration, analysis, and modelling in computational biology. – EURANDOM Workshop on Risk Measures & Risk Management for High-Frequency Data, Eindhoven/The Netherlands, 06.–08.03.2006 (06.03.2006).
- V76. GROSSE, I.: Recognition of DNA binding sites and network reconstruction with Variable Order Bayes nets. – Hershey Seminar, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor/USA (22.03.2006).
- V77. GROSSE, I.: Berechnung optimaler Bayesscher Netzwerke. – Workshop zur Modellierung von metabolischen Netzwerken mit Petri Netzen und Bayes Netzen. Technische Universität, Cottbus (29.03.2006).
- V78. GROSSE, I.: Analysis of sequence and marker data within the PDW. – BIG-GH Scientific Advisory Committee meeting, IPK Gatersleben, 20.–21.04.2006 (21.04.2006).
- V79. GROSSE, I.: Computational identification of transcription factor binding sites with Variable Order Bayesian networks. – 5th International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure 'BGRS' 2006', Novosibirsk/Russia, 16.–22.07.2006 (17.07.2006).
- V80. GROSSE, I.: Teaching and research at the Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle. – 4th Meeting of the German-Russian Virtual Network of Bioinformatics for Computational Systems Biology, Novosibirsk/Russia (19.07.2006).
- V81. GROSSE, I.: Computational mapping of crop plant ESTs. – 1st Tunisian German Meeting on Bioinformatics, Tunis/Tunisia, 08.–10.09.2006 (09.09.2006).
- V82. GROSSE, I.: An intuitive introduction of informatic theory. – European Training and Networking Activity (ETNA) Summer School on Metabolite Profiling and Data Analysis, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm und Universität Potsdam, Potsdam, 20.–29.09.2006 (25.09.2006).
- V83. GROSSE, I.: Sequence and marker analysis with the Plant Data Warehouse. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V84. GROSSE, I.: Bioinformatics teaching and research at Martin-Luther-University Halle-Wittenberg and IPK Gatersleben. – 6th Meeting of the German-Russian Virtual Network of Bioinformatics for Computational Systems Biology, St. Petersburg/Russia (27.11.2006).
- V85. GROSSE, I.: Computational recognition of cis-regulatory elements. – International workshop on Nano-Biotechnology, St. Petersburg/Russia, 27.–29.11.2006 (28.11.2006).
- V86. GROSSE, I.: Data integration, analysis, and modelling with the Plant Data Warehouse. – St. Petersburg State University, St. Petersburg/Russia (30.11.2006).
- V87. GROSSE, I.: Strukturierte Nutzung vielschichtiger Datenmengen: Das Plant Data Warehouse. – Minisymposium 'Zwischen Tradition und Fortschritt – die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben', Gatersleben, 14.–15.12.2006 (15.12.2006).
- V88. GURUSHIDZE, M., F.R. BLATTNER & R.M. FRITSCH (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): Congruent molecular data-sets contradicting morphology – phylogenetic pattern or uniparental inheritance? – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V89. HAHN, T., K. TAG, K. RIEDEL, S. UHLIG, K.H.R. BARONIAN, G. GELLISSSEN & G. KUNZE (vorgetragen von KUNZE, G.): A novel estrogen sensor based on recombinant *Arxula adenonivorans* cells. – 4th *Hansenula polymorpha* Worldwide Network Conference, Haren/The Netherlands, 03.–05.09.2006 (04.09.2006).
- V90. HÄHNEL, U., D. KOSZEGI, J. TIEDEMANN, A. JOHNSTON, A. CZIHAL, A. VARSHNEY, J. KUMLEHN, U. GROSSNIKLAUS, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED (vorgetragen von ALTSCHMIED, L.): Approaching fertilization and parthenogenesis in plant: expressed sequence tags of sexual and parthenogenetic egg cells from wheat. – Friedrich-Schiller-Universität, Jena (04.07.2006).

- V91. HÄHNEL, U.: Gene expression in sexual and parthenogenetic egg cells of wheat. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006 (13.10.2006).
- V92. HAJIREZAEI, M.R.: From basic science to biotechnology applications. – Universidad Nacional de Rosario, Rosario/Argentina, 04.–19.02.2006 (12.02.2006).
- V93. HAJIREZAEI, M.R.: Influence of abiotic and biotic stress on plant development: how can we make plants happy? – 14th National and 2nd International Conference of Biology, Tehran/Iran, 29.–31.08.2006 (31.08.2006).
- V94. HAJIREZAEI, M.R.: From basic science to biotechnology applications. – Agricultural Jahad Organization of Esfahan Province, Esfahan/Iran, 05.–08.09.2006 (07.09.2006).
- V95. HANEMANN, A.: Map based cloning of the scald resistance gene Rrs2 in barley. – Technische Universität München, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, München (16.11.2006).
- V96. HENSEL, G.: *Agrobacterium*-mediated transformation of barley and its applications. – Scottish Crop Research Institute, Invergowrie/UK (09.05.2006).
- V97. HENSEL, G., V. VALKOV, C. MARTHE & J. KUMLEHN (vorgetragen von HENSEL, G.): Efficient *Agrobacterium*-mediated transformation of various barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. – 11th IAPTC&B Congress on Plant Tissue Culture & Biotechnology, Beijing/China, 13.–18.08.2006 (17.08.2006).
- V98. HOUBEN, A. & D. DEMIDOV (vorgetragen von HOUBEN, A.): Histone phosphorylation in plants. – University Aalborg, Denmark (09.06.2006).
- V99. HOUBEN, A. & D. DEMIDOV (vorgetragen von HOUBEN, A.): Cell cycle dependent histone phosphorylation in plants. – Gregor Mendel Institut, Vienna/Austria (07.07.2006).
- V100. HOUBEN, A.: Chromosomale Mechanismen der Haploiden-induktion. – Institutskolloquium BAZ, Quedlinburg (05.09.2006).
- V101. HOUBEN, A.: Centromere function and genomes in conflict. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V102. IHLOW, A. & U. SEIFFERT (vorgetragen von IHLOW, A.): Adaptive Farbbräune auf Basis des multivariaten Gaußmodells für die Segmentierung von Farbbildern. – 12. Workshop Farbbildverarbeitung, Ilmenau, 05.–06.10.2006 (06.10.2006).
- V103. JAKOB, S.S. & F.R. BLATTNER (vorgetragen von JAKOB, S.S.): Phylogeographic studies and speciation in Patagonian *Hordeum* species. – Evolution meeting 2006, Stony Brook University, Stony Brook/USA, 23.–27.06.2006 (25.06.2006).
- V104. JAKOB, S.S.: Botanische Forschungsreisen durch Patagonien. – Botanischer Verein Sachsen-Anhalt, Halle/S. (28.10.2006).
- V105. JAKOB, S.S.: Populationsgenetische Analysen und Modellierung der klimatischen Nische in der Grasart *Hordeum marinum*. – Wissenschaftliches Kolloquium an der Hochschule Anhalt, Bernburg (13.12.2006).
- V106. JINIKHADZE, T., T. BARBLISHVILI & H. KNÜPFER (vorgetragen von JINIKHADZE, T.): Towards the compilation of a checklist of cultivated plants of Georgia. – Workshop 'Inventorying European Cultivated Plant Species', Warsaw/Poland, 12.–14.01.2006 (12.01.2006).
- V107. JOVTCHEV, G., A. PECINKA, M.F. METTE & I. SCHUBERT (vorgetragen von JOVTCHEV, G.): Tandem repeats can alter chromatin arrangement in *Arabidopsis thaliana* nuclei. – Arbeitsbesprechung der Forschungscluster, Halle/S. (06.11.2006).
- V108. KACZMARCZYK, A.: Untersuchungen zur Kryokonservierung von Kartoffeln. – Progress-Seminar IPZ Entwicklungsphysiologie, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (13.11.2006).
- V109. KAPUSI, E., G. HENSEL & J. KUMLEHN (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Selektionsmarker-freies Getreide durch androgenetische Segregation ungekoppelter T-DNAs. – Biologische Sicherheit transgener Pflanzen, BMBF-Statusseminar, Berlin, 17.–18.05.2006 (18.05.2006).
- V110. KARIMI, R. & A. HOUBEN (vorgetragen von Karimi, R.): Characterization of AtHaspin, a histone H3-specific kinase and the relationship between H3 phosphorylation and other neighboring post-translational modifications. – Meeting Biologisches Netzwerk 'Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung', Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (06.10.2006).
- V111. KASPAR, S., H.-P. MOCK, G. DISAN & E. JAHN (vorgetragen von KASPAR, S.): Proteome and metabolite analysis of the effect of UV-radiation on barley leaf tissue. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V112. KEILWAGEN, J.: A DP-algorithm for identifying the structure of permuted Markov models. – Miniworkshop on Permuted Markov Models and Bayesian Networks, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (07.07.2006).
- V113. KEILWAGEN, J., P. AZHAGUVEL, S. STRACKE, N. STEIN, A. GRANER & I. GROSSE (vorgetragen von KEILWAGEN, J.): Predicting the number of haplotypes by an integration of marker, passport, and phenotypic data. – International Workshop 'Data Warehouse Technologies in Bioinformatics – DWTB2006, Wittenberg, 04.–06.12.2006 (05.12.2006).
- V114. KELLER, E.R.J.: *In-vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung pflanzen-genetischer Ressourcen. – Vortrag vor InWEnt-Stipendiaten, Gatersleben (09.01.2006).
- V115. KELLER, E.R.J.: *In-vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung pflanzen-genetischer Ressourcen. – Vortrag vor Studenten der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., Gatersleben (14.02.2006).
- V116. KELLER, E.R.J., M. GRÜBE, A. SENULA & A. KACZMARCZYK (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Sicherung genetischer Ressourcen in der langfristigen Zeitebene: Lagerung durch Kryokonservierung. – Regionale wissenschaftliche Konferenz 'Pflanzenbiotechnologie' veranstaltet durch die IAPTC&B Sektionen Österreichs, Deutschlands und der Schweiz, Vienna/Austria, 22.–24.03.2006 (22.03.2006).
- V117. KELLER, E.R.J.: *In vitro* storage and cryopreservation of plant genetic resources. – Nordic Genebank international training course for the South East European Network on Plant Genetic Resources (SEEDNet), Alnarp/Sweden (12.05.2006).
- V118. KELLER, E.R.J.: *In-vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung pflanzen-genetischer Ressourcen im IPK. – Vortrag vor Studenten der Landwirtschaftlichen Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., Gatersleben (07.07.2006).
- V119. KELLER, E.R.J.: *In-vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung pflanzen-genetischer Ressourcen im IPK. – Vortrag vor Studenten der Universität Rostock, Gatersleben (18.07.2006).
- V120. KELLER, E.R.J., A. SENULA, A. KACZMARCZYK & M. GRÜBE (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Development and organization of the Gatersleben cryobank of potato, garlic and mint: maintenance safety and logistics. – 43rd. Annual Meeting of the Society for Cryobiology and Society of Low Temperature Biology 'Cryo 2006', Hamburg, 24.–27.04.2006 (24.07.2006).
- V121. KELLER, E.R.J.: Veranstaltungen und Initiativen zur Kryokonservierung 2005/2006: crymcept-Workshop Montpellier, ECP-GR *Allium*-Meeting Prag, CRYO 2006 Hamburg und die COST Initiative 871. – Mitgliederversammlung des Arbeitskreises Deutsche *In-vitro*-Kulturen ADIVK, Geisenheim (22.09.2006).
- V122. KELLER, E.R.J., A. KACZMARCZYK & M. GRÜBE (vorgetragen von Keller, E.R.J.): Further steps to better understanding cryopreservation of potato. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V123. KLUKAS, C.: Visualization and analysis of large-scale biochemi-

- cal data with VANTED. – Friedrich-Schiller-Universität, Jena (17.01.2006).
- V124. KLUKAS, C., F. SCHREIBER & H. SCHWÖBBERMEYER (vorgetragen von Schreiber, F.): Coordinated perspectives and enhanced force-directed layout for the analysis of network. – Asia Pacific Symposium on Information Visualisation 'APVIS 2006', Tokyo/Japan, 01.–03.02.2006 (01.02.2006).
- V125. KLUKAS, C.: Analysis and visualization of biochemical data in the context of relevant networks. – BIC-GH Scientific Advisory Committee Meeting, Gatersleben (20.04.2006).
- V126. KLUKAS, C.: Visualisierung und Analyse von biochemischen Daten im Kontext relevanter Netzwerke. – Justus-Liebig-Universität, Gießen (12.05.2006).
- V127. KLUKAS, C.: Data analysis and visualization in the context of biological networks. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V128. KLUKAS, C.: Analysis and visualization of experimental data in the context of relevant networks. – 5. BIC-GH Klausurtagung, Wittenberg, 04.–05.10.2006 (05.10.2006).
- V129. KNÜPFER, H.: Documentation and information management of plant genetic resources. – Vortrag vor InWEnt-Stipendiaten, Gatersleben (10.01.2006).
- V130. KNÜPFER, H.: Towards compiling national inventories of cultivated plant species in European countries. – Workshop 'Inventorying European Cultivated Plant Species', Warsaw/Poland, 12.–14.01.2006 (12.01.2006).
- V131. KNÜPFER, H. & D.T.F. ENDRESEN (vorgetragen von KNÜPFER, H.): GBIF and plant genetic resources. – Workshop 'Inventorying European Cultivated Plant Species', Warsaw/Poland, 12.–14.01.2006 (12.01.2006).
- V132. KNÜPFER, H. & R. NARANG (vorgetragen von KNÜPFER, H.): Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Plants, and the Database for checklists of cultivated plants. – Workshop 'Inventorying European Cultivated Plant Species', Warsaw/Poland, 12.–14.01.2006 (13.01.2006).
- V133. KNÜPFER, H.: GBIS - the new Genebank Information System. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V134. KNÜPFER, H.: Informationsrecherche und Saatgutbestellung mit dem neuen Genbankinformationssystem. – Minisymposium 'Zwischen Tradition und Fortschritt – die bundeszentrale Ex-situ-Genbank am IPK Gatersleben', Gatersleben, 14.–15.12.2006 (14.12.2006).
- V135. KUENNE, C.: SmeX. – 5. BIC-GH Klausurtagung, Wittenberg, 04.–05.10.2006 (04.10.2006).
- V136. KUENNE, C., I. GROSSE, I. MATTHIES, U. SCHOLZ, T. SRETENOVIC-REJICIC, N. STEIN, A. STEPHANIK & S. WEISE (vorgetragen von KUENNE, C.): Using data warehouse technology in crop plant bioinformatics. – International Workshop 'Data Warehouse Technologies in Bioinformatics – DWTB2006, Wittenberg, 04.–06.12.2006 (05.12.2006).
- V137. KUMLEHN, J.: *Agrobacterium*-mediated gene transfer to androgenetic pollen cultures of barley and its biotechnological application. – Regionale wissenschaftliche Konferenz 'Pflanzenbiotechnologie' veranstaltet durch die IAPTC&B Sektionen Österreichs, Deutschlands und der Schweiz, Vienna/Austria, 22.–24.03.2006 (23.03.2006).
- V138. KUMLEHN, J.: Grüne Gentechnik. – Landesseniorenverband Winterfeld, Winterfeld (19.04.2006).
- V139. KUMLEHN, J., U. HÄHNEL, D. KOESZEGI, A. CZIHAI, J. TIEDEMANN, L. ALTSCHMIED & H. BÄUMLEIN (vorgetragen von KUMLEHN, J.): Studies on autonomous embryo formation from Salmon wheat egg cells. – 19th International Congress of the Sexual Plant Reproduction (ICSPR), Budapest/Hungary, 11.–15.07.2006 (14.07.2006).
- V140. KUMLEHN, J.: Entwicklung eines Verfahrens zur Herstellung von Doppelhaploiden bei Weizen. – InnoPlanta Statusseminar, IPK Gatersleben (19.10.2006).
- V141. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – a nonconventional dimorphic yeast of great biotechnological potential. – University Delhi, Delhi/India (07.02.2006).
- V142. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – a nonconventional dimorphic yeast of great biotechnological potential. – Banaras Hindu University, Banaras/India (10.02.2006).
- V143. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – a nonconventional dimorphic yeast of great biotechnological potential. – Guru Nanak Dev University, Amritsar/India (13.02.2006).
- V144. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – a nonconventional dimorphic yeast of great biotechnological potential. – Energy and Resources Institute (TERI), New Delhi/India (14.02.2006).
- V145. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – gene donor and host for the heterologous gene expression. – University Delhi, Delhi/India (15.02.2006).
- V146. KUNZE, G.: Yeast based sensors for environmental control. – University Delhi, Delhi/India (15.02.2006).
- V147. KUNZE, G.: Nonconventional yeasts as hosts for gene expression platforms. – University Delhi, Delhi/India (15.02.2006).
- V148. KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – a nonconventional dimorphic yeast of great biotechnological potential. – Guru Gobind Singh Indraprastha University, Delhi/India (15.02.2006).
- V149. LAGHETTI, G., S. BULLITTA, M. AGABGIO, P. PERRINO, H. KNÜPFER & K. HAMMER (vorgetragen von LAGHETTI, G.): Italy: inventorying of cultivated plant species in Italian non academic organizations. – Workshop 'Inventorying European Cultivated Plant Species', Warsaw/Poland, 12.–14.01.2006 (13.01.2006).
- V150. LANGER, E. & C. KUENNE (vorgetragen von LANGER, E.): The Plant bioinformatics portal – current state. – BIG-GH Scientific Advisory Committee meeting, IPK Gatersleben, 20.–21.04.2006 (22.04.2006).
- V151. LOHWASSER, U.: 1. QTL-mapping of pre-harvest sprouting and dormancy in cereals. 2. Characterization and evaluation of genebank accessions. – Einführungsseminar 'Nutzbarmachung von pflanzengenetischen Ressourcen als Beitrag der Ernährungssicherung', Gatersleben (09.01.2006).
- V152. LOHWASSER, U., R. KURCH & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Koriander im Vergleichsanbau als Herbst- und Frühljahrsaussaat zur Untersuchung der morphologischen und inhaltstofflichen Variabilität. – 16. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, Bernburg, 21.–22.02.2006 (22.02.2006).
- V153. LOHWASSER, U.: Biosystematische Untersuchungen an Koriander (*Coriandrum sativum* L.) in der Genbank in Gatersleben. – Symposium zu den Aufgaben Botanischer Gärten, Ruhr-Universität Bochum, Bochum (12.05.2006).
- V154. LOHWASSER, U., H. KRÜGER & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Biodiversity within the large coriander collection (*Coriandrum sativum* L., Apiaceae) of the German ex situ genebank in Gatersleben. – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.–28.09.2006 (25.09.2006).
- V155. MATROS, A.: Identifizierung von Metaboliten und Proteinen aus Pflanzen mit ESI-Q-TOF/MS. – Seminar 'Protein und Metabolom-Analyse', Halle/S. (04.07.2006).
- V156. MATROS, A.: Identification of plant proteins by LC-ESI-Q-MS/MS using EST databases and homology based searches. – Workshop MS Conference, Prague/Czech Republic, 11.–27.08.2006 (27.08.2006).
- V157. MATROS, A.: Proteome analysis of cold stress response in *A. thaliana*. – PROTEOMLUX 2006, Luxembourg/Luxembourg, 11.–14.10.2006 (13.10.2006).

- V158. MATTHIES, I.: Haplotypendiversität von Kandidatengenem mit Einfluss auf die Malz- und Brauqualität in Gerste. – 57. Jahrestagung der GPZ 'Pflanzenzüchtung und Genomanalyse', Gumpenstein/Austria, 21.–23.11.2006 (23.11.2006).
- V159. MELZER, M.: It's a small small world: new aspects of microscopy for cell biology. – Indian Institute of Technology (ITT), Bombay/India (05.01.2006).
- V160. MELZER, M.: It's a small small world: new aspects of microscopy for cell biology. – Tata Institute of Fundamental Research, Bombay/India (06.01.2006).
- V161. MELZER, M.: It's a small small world: new aspects of microscopy for cell biology. – Jawaharlal Nehru University, School of Life Sciences, New Delhi/India (13.01.2006).
- V162. METTE, M.F.: RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*: a model system for the study of epigenetic regulation. – Friedrich Miescher Institute of Biomedical Research, Basel/Switzerland (21.01.2006).
- V163. METTE, M.F.: Contribution of target transgene position to RNA-directed promoter methylation and TGS. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006 (21.09.2006). Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-ST-2/ERT-PO-1, p. 55.
- V164. METTE, M.F.: Target position affects RNA-directed DNA methylation and transcriptional gene silencing in plants. – 'Epigenetics 2006' workshop of the DFG priority program 1129, Überherrn, 28.–30.09.2006 (30.09.2006).
- V165. METTE, M.F.: "Position effect" in RNA-directed transcriptional gene silencing in *Arabidopsis thaliana*. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V166. METTE, M.F.: Target position affects RNA-directed DNA methylation and transcriptional gene silencing. – 4th Meeting of the GBM study section RNA-Biochemistry 'RNA Biochemistry & microRNAs', Kassel, 12.–15.10.2006 (14.10.2006).
- V167. METZNER, E., W. KNÖGGE, P. SCHWEIZER & H.-P. MOCK (vorgetragen von METZNER, E.): Transcriptome and proteome dynamics of pathogen-attacked barley epidermis. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V168. MIELORDT, S., I. GROSSE & J. KLEFFE (vorgetragen von MIELORDT, S.): Data structures for genome annotation, alternative splicing, and validation. – 3rd International workshop 'Data Integration in the Life Sciences DILS 2006', Hinxton/UK, 20.–22.07.2006 (22.07.2006).
- V169. MOCK, H.-P.: Proteomanalyse von Nutzpflanzen. – Workshop der SKW Piesteritz, Wittenberg (15.03.2006).
- V170. MOCK, H.-P.: UPLC-based metabolic profiling of crop and model plants. – Workshop MS Conference, Prague/Czech Republic, 11.–27.08.2006 (27.08.2006).
- V171. MOCK, H.-P.: Protein networks in plant stress defence. – Workshop der SKW Piesteritz, Wittenberg (29.08.2006).
- V172. MOHR, M.: Prediction of transcription factor binding sites and target genes. – Annual Meeting of the Trilateral Project ArabidoSeed, Gatersleben, 18.–20.02.2006 (20.02.2006).
- V173. NARANG, R.: Possible approaches to a web-based information network supporting the compilation of national inventories and a European flora of cultivated plants. – Workshop 'Inventorying European Cultivated Plant Species', Warsaw/Poland, 12.–14.01.2006 (13.01.2006).
- V174. NAVAkode, S.: Gene tagging for Aluminium tolerance in barley and wheat. – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (23.01.2006).
- V175. NAVAkode, S., A. WEIDNER, A. BÖRNER, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER (vorgetragen von NAVAkode, S.): Aluminium tolerance – a function of synteny in Triticeae. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V176. NAVAkode, S.: Identification of molecular markers linked to aluminium tolerance in barley and wheat: progressing through marker validation. – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (01.11.2006).
- V177. NEUMANN, K., A. BÖRNER & U. LOHWASSER (vorgetragen von NEUMANN, K.): Primary results for the identification of QTLs for drought tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.) at the germination and the seedling stage. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V178. NEUMANN, K., A.F. BÄLINT, U. LOHWASSER & A. BÖRNER (vorgetragen von NEUMANN, K.): Identification of QTLs for drought tolerance at different developmental stages in barley (*Hordeum vulgare* L.). – PGRC Minisymposium 'Abiotischer Stress in der Gerste', Gatersleben (29.08.2006).
- V179. NEUMANN, K.: Identifizierung von QTLs für die Toleranz von Trockenheit in unterschiedlichen Entwicklungsstadien von Gerste (*Hordeum vulgare* L.). – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (01.11.2006).
- V180. NEUMANN, K., A.F. BÄLINT, U. LOHWASSER & A. BÖRNER (vorgetragen von NEUMANN, K.): Drought in early growth stage: the search for QTLs in the Steptoe x Morex mapping population. – PlantResource Meeting, Gatersleben (12.12.2006).
- V181. NGUYEN, H.T.: Glucose-6-phosphate translocator effects development during seed maturation in *Vicia narbonensis*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V182. NGUYEN, L.T. & U. CONRAD (vorgetragen von NGUYEN, L.T.): Identification of salt stress responsive ABA-dependent and ABA-independent transcription factors in *Arabidopsis thaliana*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V183. NIKOLOVA, T., G. KANIA & A.M. WOBUS (vorgetragen von NIKOLOVA, T.): Properties of ES cell and cord blood-derived prominin-1/CD133⁺ progenitor cells following *in vitro* culture. – Project FP6 'Application and process optimization of stem cell products for myocardial repair', EU 'SC&CR' meeting, Rome/Italy (07.04.2006).
- V184. NIKOLOVA, T., J. CZYZ, J. SCHUDERER, N. KUSTER & A.M. WOBUS (vorgetragen von NIKOLOVA, T.): High frequency electromagnetic fields (GSM signals) affect gene expression levels in tumor suppressor p53-deficient embryonic stem (ES) cells and ES-derived neural progenitor cells. – International Workshop 'Proposed Mechanisms for the Interaction of RF-Signals with Living Matter: Demodulation in Biological Systems', Rostock, 11.–13.09.2006 (13.09.2006). Abstr. in: International Workshop 'Proposed Mechanisms for the Interaction of RF-Signals with Living Matter: Demodulation in Biological Systems', Rostock. Abstracts. (2006) p. 16.
- V185. NOWARA, D.: Evidence for plant-mediated gene silencing in *Blumeria graminis*. – Jahrestagung der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG), Berlin, 16.–17.03.2006 (16.03.2006).
- V186. OPPERMAN, M.: Wissensmanagement mit dem neuen Genbankinformationssystem. – Minisymposium 'Zwischen Tradition und Fortschritt – die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben', Gatersleben, 14.–15.12.2006 (14.12.2006).
- V187. PISTRICK, K.: Einführung in die Taxonomie pflanzengenetischer Ressourcen. – Vortrag vor Studenten und Mitarbeitern des Instituts für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Gatersleben (07.07.2006).
- V188. PLEINES, T., S.S. JAKOB & F.R. BLATTNER (vorgetragen von PLEINES, T.): Phylogeographic patterns in the western North American *Hordeum brachyantherum* group (Poaceae). – 2nd ISC IPK stu-

- dent conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V189. RADCHUK, R.: Sucrose nonfermenting-1 Proteinkinase (SnRK1) ist ein Regulator der Erbsenembryoreifung und interagiert mit ABA-abhängigen und unabhängigen Wegen. – 19. Tagung 'Molekularbiologie der Pflanzen', Dabringhausen, 07.–10.03.2006 (08.03.2006).
- V190. RADCHUK, V.: Tubulin genes in barley: a genomic approach. – International Symposium 'The Plant Cytoskeleton: Genomic and Bioinformatic Tools for Biotechnology and Agriculture', Yalta/Ukraine (20.09.2006).
- V191. RAGGI, L., E. ALBERTINI, G. MARCONI, T.F. SHARBEL & M. FALCINELLI (vorgetragen von RAGGI, L.): Genetic and reproductive diversity within and among kentucky bluegrass (*Poa pratensis* L.) worldwide accessions. – 26th Meeting of the EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Section, Perugia/Italy, 03.–07.09.2006 (05.09.2006).
- V192. RÖDER, M., E. POTOKINA, L. MALYSHEVA-OTTO, I. MATTHIES & A. GRANER (vorgetragen von RÖDER, M.): Der steinige molekulare Weg zu besserem Malz. – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Tagung, Freising-Weiherstephan, 14.–16.03.2006 (14.03.2006). Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 69 (2006) 83–85.
- V193. RÖDER, M.: The barley grain - from development towards malting quality. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V194. ROLLETSCHKE, A.: Expression of hepatocytic markers after differentiation of mouse embryonic stem cells into the pancreatic lineage. – Falk Research Workshop 'Liver Regeneration, Stem Cells and Transdifferentiation', Leipzig, 19.–20.01.2006 (20.01.2006).
- V195. ROLLETSCHKE, A.: Analysis of pancreatic differentiation by transcriptional profiling of differentiating mouse embryonic stem cells *in vitro*. – Annual Symposium EU Project FunGenES, Nice/France, 23.–25.04.2006 (23.04.2006).
- V196. ROLLETSCHKE, A.: Mouse embryonic stem cells and intestinal epithelium-derived progenitors: a comparative study. – Seminar am Institut für Biologische Grenzflächen (IBC), FZK Karlsruhe (22.06.2006).
- V197. ROLLETSCHKE, H.: Sauerstoff- und Energieverfügbarkeit regulieren die Protein- und Ölbiosynthese in Samen. – Öffentliche Sitzung der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, Gatersleben, 07.–08.06.2006 (08.06.2006).
- V198. RUTTEN, T.: It's a small small world: new aspects of microscopy for cell biology. – Minisymposium, Technische Universität Kaiserslautern (22.06.2006).
- V199. SCHMID, K.: Introduction in the new working group Quantitative Evolutionary Genetics. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V200. SCHMID, K.: Footprints of demographic history and natural selection in the genome of *Arabidopsis thaliana*. – Georg-August-Universität, Albrecht-von-Haller-Institut für Pflanzenwissenschaften, Göttingen (07.12.2006).
- V201. SCHMIDT, R.: Genome plasticity in Brassicaceae. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V202. SCHMIDT, R.: Genome plasticity in Brassicaceae. – Mini-Symposium 'Plant Molecular Genetics', Gatersleben (12.10.2006).
- V203. SCHOLZ, U.: An introduction to Data Base Systems and Data Warehouses. – European Training and Networking Activity (ETNA) Summer School on Metabolite Profiling and Data Analysis, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm und Universität Potsdam, Potsdam, 20.–29.09.2006 (22.09.2006).
- V204. SCHOLZ, U.: Expression data in the Plant Data Warehouse. – 5. BIC-GH Klausurtagung, Wittenberg, 04.–05.10.2006 (04.10.2006).
- V205. SCHOLZ, U.: WebServices - an advanced opportunity to provide IPK resources. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V206. SCHREIBER, F.: Visual network analysis for systems biology. – Kyoto University, Kyoto/Japan (30.01.2006).
- V207. SCHREIBER, F.: Analyse und Visualisierung biologischer Netzwerke. – Universität Dortmund, Dortmund (13.03.2006).
- V208. SCHREIBER, F.: Biological network analysis and exploration: a step towards systems biology. – International University Bremen, Bremen (20.03.2006).
- V209. SCHREIBER, F.: Network analysis and visualisation for biological questions. – BIC-GH Scientific Advisory Committee Meeting, Gatersleben (20.04.2006).
- V210. SCHREIBER, F.: Analysis and visualisation of high-throughput data in the context of relevant networks. – 1st Tunisian German Meeting on Bioinformatics, Tunis/Tunisia, 08.–10.09.2006 (10.09.2006).
- V211. SCHREIBER, F.: Analyse und Visualisierung biologischer Netzwerke. – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (27.10.2006).
- V212. SCHREIBER, F.: Visuelle Analyse von biologischen Netzwerken. – Universität Passau, Passau (07.11.2006).
- V213. SCHREIBER, F.: Analyse und Visualisierung biologischer Netzwerke. – Humboldt-Universität zu Berlin, Berlin (30.11.2006).
- V214. SCHROEDER, I.S.: Differentiation of mouse embryonic stem cells into functional pancreatic and hepatic cells. – 2nd International Conference 'Strategies in Tissue Engineering', Würzburg, 31.05.–02.06.2006 (02.06.2006).
- V215. SCHUBERT, I.: Persistent and dynamic features of chromosome/chromatin arrangement in higher plants. – 3rd EPSO conference 'Plant dynamics: from molecules to ecosystems', Visegrad/Hungary, 28.05.–01.06.2006 (29.05.2006).
- V216. SCHUBERT, I.: Interphase chromosome arrangement in *Arabidopsis thaliana* and its phylogenetic conservation. – Kolloquiumsvortrag Universität Amsterdam, Amsterdam/The Netherlands (14.09.2006).
- V217. SCHUBERT, I.: Comparative chromosome painting elucidates karyotype evolution in Brassicaceae. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V218. SCHUBERT, I.: What does it need to create a centromere? – Mini-Symposium 'Chromosomes, from observation to understanding', University Vienna, Vienna/Austria (20.10.2006).
- V219. SCHUBERT, I.: Chromosomen- und Chromatin-Struktur im Interphasekern. – Wissenschaftliches Symposium zu Ehren von Prof. Rudolf Hagemann anlässlich seines 75. Geburtstages 'Genetik und Epigenetik höherer Pflanzen', Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (27.10.2006).
- V220. SCHUBERT, V., A. BERR, Y.-M. KIM, J. FUCHS, A. MEISTER, S. -MARSCHNER & I. SCHUBERT (vorgetragen von SCHUBERT, V.): Random homologous pairing and frequent sister chromatid separation are common in angiosperm interphase nuclei. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006 (21.09.2006). Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-ST-1, p. 54.
- V221. SCHUBERT, V.: Chromosome/chromatin architecture of plant interphase nuclei. – Kolloquium an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (13.12.2006).
- V222. SCHULZ, H., E.R.J. KELLER & L. MÖRL (vorgetragen von SCHULZ, H.): Entwicklung neuer Produkte auf der Basis von *Allium*-Extrakten. – Statusseminar des InnoRegio-Projektes REPHYNA, Magdeburg (09.11.2006).
- V223. SCHULZ, H. & E.R.J. KELLER (vorgetragen von SCHULZ, H.): Gelblauch: eine neue Medizinal- und Aromapflanze für den europäischen Markt. – Sitzung der FAH-Arbeitsgruppe 'Arzneipflanzen', Karlsruhe (28.11.2006).

- V224. SCHWEIZER, P.: A *GABI* network to identify, characterize and optimize novel promoters from monocotyledonous plants for the genetic engineering of fungal resistance. – 6th *GABI* Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006 (22.02.2006).
- V225. SCHWEIZER, P.: A high-throughput phenomics screen for barley-powdery mildew. – Jahrestagung der Deutschen Phytomedizinischen Gesellschaft (DPG), Berlin, 16.–17.03.2006 (16.03.2006).
- V226. SCHWEIZER, P.: Phenomics in pathogen- and drought-stressed barley. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V227. SCHWEIZER, P.: Stressed cereals - genes and phenotypes. – Mini-Symposium 'Plant Molecular Genetics', Gatersleben (12.10.2006).
- V228. SEIFFERT, M. & I. GROSSE (vorgetragen von SEIFFERT, M.): Linking chromosomal distances of genes to microarray profiles: a novel strategy to analyze the effects of chromosomal imbalances on gene expression levels. – International Workshop 'Data Warehouse Technologies in Bioinformatics – DWTB2006', Wittenberg, 04.–06.12.2006 (05.12.2006).
- V229. SEIFFERT, U., B. HAMMER, S. KASKI & T. VILLMANN (vorgetragen von SEIFFERT, U.): Neural networks and machine learning in Bioinformatics – theory and applications. – 14th European Symposium on Artificial Neural Networks (ESANN), Bruges/Belgium, 26.–28.04.2006 (28.04.2006).
- V230. SEIFFERT, U.: Neural networks and machine learning in Bioinformatics. – Scientific Colloquium I.N.S.A., Rennes/France (29.06.2006).
- V231. Seiffert, U.: Training of large-scale feed-forward neural networks. – '2006 IEEE World congress on computational intelligence', Vancouver/Canada, 16.–21.07.2006 (21.07.2006). Abstr. in: 2006 IEEE World congress on computational intelligence. Final program and book of abstracts, 10780–10785.
- V232. SEIFFERT, U.: An automatic high-throughput screening system for analysing plant pathogen resistance. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V233. SEIFFERT, U.: Machine learning techniques in Bioinformatics. – Scientific Colloquium Biopolis Bioinformatics Institute, Singapore (19.10.2006).
- V234. SEILER, C., W. WESCHKE & H. WEBER (vorgetragen von SEILER, C.): Transportprozesse in Pflanzen. – DFG Tagung, Schloss Hirschberg (13.06.2006).
- V235. SHARBEL, T.F.: Using population genomics to elucidate the evolutionary origins and functional genetics of naturally-occurring apomixis. – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V236. SHARBEL, T.F., M.-L. VOIGT & M. PIWCZYNSKI (vorgetragen von SHARBEL, T.F.): Using population genomics to elucidate the evolutionary origins and functional genetics of apomixis in the *Boechera holboellii* complex. – 16th Annual Conference of the DGfZ (Deutsche Gesellschaft für Zytometrie), Leipzig, 18.–21.10.2006 (20.10.2006).
- V237. SHARBEL, T.F.: Strategies for associating molecular markers and apomixis factors in *Hypericum perforatum*, *Poa pratensis* and *Boechera holboellii*. – Meeting of the Ecology and Genetics of Flora Evolution Group, Granada/Spain, 31.10.–03.11.2006 (02.11.2006).
- V238. SHUTOVA, A.: Functional analysis of promoters of seed storage protein genes from *Ginkgo biloba*, *Zamia furfuracea* and *Matteucia struthiopteris*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V239. SHUTOVA, A.: Evolutionary conservation of tissue specific gene regulation between ferns and higher plants. – EMPSEB – 12th European Meeting of PhD Students in Evolutionary Biology, St. Andrews/UK, 04.–09.09.2006 (08.09.2006).
- V240. SREENIVASULU, N.: Transcriptional networks controlling PCD and maturation events in developing barley seeds. – International Symposium on Frontiers in Genetics and Biotechnology 'Reproductives and Prospects', Hyderabad/India, 08.–10.01.2006 (09.01.2006).
- V241. SREENIVASULU, N.: Genomic approaches to unravel complex traits during seed development. – South Campus, Delhi University, Delhi/India (27.01.2006).
- V242. SREENIVASULU, N.: Genomic approaches to unravel complex traits during seed development. – International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB), Delhi/India (30.01.2006).
- V243. SREENIVASULU, N.: Strategies and concepts for minimizing yield loss under drought. – PGRC Minisymposium 'Abiotic stress in barley', Gatersleben (28.08.2006).
- V244. SREENIVASULU, N.: Regulators determining seed maturation: a genetical genomic approach. – EUCARPIA Meeting Cereal Section 'Cereal Science and Technology for feeding ten billion people: genomics era and beyond', Lleida/Spain, 13.–17.11.2006 (17.11.2006).
- V245. SREENIVASULU, N.: Manually curated MAPMAN annotation. – PGRC Annual Meeting 2006, Gatersleben (22.11.2006).
- V246. STEIN, N.: Natural diversity in the eukaryotic translation initiation factor 4E (EIF4E) confers multiallelic recessive By-movirus resistance in barley. – Kolloquium des Lehrstuhls für „Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung“ der Universität Bonn, Bonn (26.01.2006).
- V247. STEIN, N.: *GABI-TILLING*: Establishment of a central platform for testing lead gene function in crops based on *TILLING*. – 6th *GABI* Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006 (22.02.2006).
- V248. STEIN, N.: Mechanisms of virus resistance in plants – a case study of barley. – Jahrestreffen des DPG-Arbeitskreises 'Viruskrankheiten der Pflanzen', Freudenstadt-Lauterbad, 30.–31.03.2006 (30.03.2006).
- V249. STEIN, N.: *TILLING* (Targeting Induced Lesions in Genomes) – ein alter Hut mit neuem Namen? – GFP-Abteilungssitzung Getreide, Kiel (27.06.2006).
- V250. STEIN, N.: Mutagenese – Bedeutung für Genomforschung und Pflanzenzüchtung. – Kolloquium Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (12.07.2006).
- V251. STEIN, N.: Genomforschung bei Getreide. – 57. Jahrestagung der GPZ 'Pflanzenzüchtung und Genomanalyse', Gumpenstein/Austria, 21.–23.11.2006 (21.11.2006).
- V252. STEINBORN, G., E. BÖER, Y. TERENTIEV, T. WARTMANN, A. SCHOLZ, G. GELLISSSEN & G. KUNZE (vorgetragen von Gellissen, G.): Application of a wide-range integrative expression vector system for yeasts. – 4th *Hansenula polymorpha* Worldwide Network Conference, Haren/The Netherlands, 03.–05.09.2006 (04.09.2006).
- V253. STEINBORN, G., E. BÖER, Y. TERENTIEV, T. WARTMANN, A. SCHOLZ, G. GELLISSSEN & G. KUNZE (vorgetragen von Gellissen, G.): Use of a "universal" yeast vector (CoMed) system for the production of proteins in *Hansenula polymorpha* and *Arxula adeninivorans*. – 4th Recombinant Protein Production Meeting, Barcelona/Spain, 21.–23.09.2006 (22.09.2006).
- V254. STEINBORN, G., E. BÖER, Y. TERENTIEV, T. WARTMANN, A. SCHOLZ, G. GELLISSSEN & G. KUNZE (vorgetragen von KUNZE, G.): Application of transgenic yeasts as hosts to the production of recombinant proteins and to biosensor development. – 47th Annual Conference Association of Microbiologists of India', Bhopal/India, 06.–08.12.2006 (06.12.2006).
- V255. STEPHANIK, A. & C. KUENNE (vorgetragen von STEPHANIK, A.): Anwendungsintegration mit dem DataCart. – 5. BIC-GH Klausurtagung, Wittenberg, 04.–05.10.2006 (04.10.2006).
- V256. STEUERNAGEL, B., A. STEPHANIK, T. RUTKOWSKI, C. KUENNE, S. WEISE,

- I. GROSSE & U. SCHOLZ (vorgetragen von STEUERNAGEL, B.): BATEX – a Data Warehouse for array-based gene expression data of plants. – International workshop 'Data Warehouse Technologies in Bioinformatics – DWTB2006', Wittenberg, 04.–06.12.2006 (05.12.2006).
- V257. STRICKERT, M.: Unveiling data secrets with Multi-Dimensional Scaling methods. – Kolloquiums-Reihe des Instituts für Informatik, Technische Universität Clausthal (09.01.2006).
- V258. STRICKERT, M.: New clustering and classification techniques for detecting gene expression patterns. – Colloquium Informatica, Universität of Groningen, The Netherlands (24.04.2006).
- V259. STRICKERT, M.: Sanger-driven MDSLocalize – A comparative study for genomic data. – 14th European Symposium on Artificial Neural Networks (ESANN), Advances in Computational Intelligence and Learning, Bruges/Belgium, 26.–28.04.2006 (27.04.2006).
- V260. STRICKERT, M.: Welche Datenattribute brauchen wir? Überwachtes und unüberwachtes Relevanzlernen durch künstliche neuronale Netze. – ITG Fachgruppentagung am IPK, Gatersleben (07.07.2006).
- V261. STRICKERT, M., T. CZAUDERNA, S. PETEREK, A. MATROS, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT (vorgetragen von CZAUDERNA, T.): Full-length HPLC signal clustering and biomarker identification in tomato plants. – 7th International FLINS Conference, Genova/Italy, 29.–31.08.2006 (30.08.2006).
- V262. STRICKERT, M.: Unsupervised feature selection for biomarker identification in chromatography and gene expression data. – Second IAPR TC3 International Workshop on Artificial Neural Networks in Pattern Recognition (ANNPR), Universität Ulm, Ulm, 31.08.–02.09.2006 (01.09.2006).
- V263. STRICKERT, M.: Surrogate spaces for faithful biodata analysis. – Oberseminar Bioinformatik, Friedrich-Schiller-Universität, Jena (11.11.2006).
- V264. STRACKE, S.: Assoziationsstudie in Gerste für das Merkmal Ährenschieben. – 57. Jahrestagung der GPZ 'Pflanzenzüchtung und Genomanalyse', Gumpenstein/Austria, 21.–23.11.2006 (23.11.2006).
- V265. TAG, K., K. WATZKE, A. SPINDLER, R. WATZKE, H. ARNDT, J. AUGE & G. KUNZE (vorgetragen von TAG, K.): Rapid classification of arbuscular mycorrhizal fungi (Glomales) in roots by quartz crystal microbalance. – 5th International Conference on Mycorrhiza 'Mycorrhiza for Science and Society', Granada/Spain, 23.–27.07.2006 (27.07.2006).
- V266. THIEL, T., N. STEIN, I. GROSSE, S. POSCH & A. GRANER (vorgetragen von THIEL, T.): Computational mapping of barley ESTs using the synteny to rice. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V267. THIEL, T.: Computational mapping. – 5. BIC-GH Klausurtagung, Wittenberg, 04.–05.10.2006 (04.10.2006).
- V268. TISCHLER, T., A. STEPHANIK & C. KUENNE (vorgetragen von TISCHLER, T.): Cluster execution framework. – 5. BIC-GH Klausurtagung, Wittenberg, 04.–05.10.2006 (04.10.2006).
- V269. VOIGT, M.-L. & T.F. SHARBEL (vorgetragen von VOIGT, M.-L.): Ploidy variation, pollen formation and fertilization in the facultative apomictic *Boechnera holboellii* complex: insights into differing classes of factors which lead to clonal degeneration. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V270. VOIGT, M.-L., M. MELZER, T. RUTTEN, T. MITCHEL-OLDS, P. GONZALEZ-MELENDI & T.F. SHARBEL (vorgetragen von VOIGT, M.-L.): Ploidy variation, pollen formation and fertilization in the facultative apomictic *Boechnera holboellii* complex: insights into differing classes of factors which lead to clonal degeneration. – 19th International Congress of the Sexual Plant Reproduction (ICSPR), Budapest/Hungary, 11.–15.07.2006 (14.07.2006).
- V271. VON HAGEN, K.B. & F.R. BLATTNER (vorgetragen von VON HAGEN, K.B.): Molecular and morphological evidence for cryptic speciation and parallel selection in Central American *Halenia decumbens* (Gentianaceae). – 'Botany 2006' California State University, Chico/USA, 28.07.–02.08.2006 (01.08.2006).
- V272. VON HAGEN, K.B. & F.R. BLATTNER (vorgetragen von VON HAGEN, K.B.): Dancing on volcanoes: phylogenetic and phylogeographical studies of *Halenia decumbens* (Gentianaceae) and related taxa. – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.–28.09.2006 (27.09.2006).
- V273. VORWIEGER, A.: Towards a transcriptional regulatory network underlying *Arabidopsis* seed development. – Brookhaven National Laboratory, Brookhaven/USA (27.06.2006).
- V274. WATZKE, K.: Differentielle Expression von *Glomus intraradices* Genen in unterschiedlichen Entwicklungsstadien der arbuskulären Mykorrhiza. – DBU Stipendiatenseminar, Benediktbeuren, 04.–08.09.2006 (05.09.2006).
- V275. WEBER, H., L. BORISJUK & R. RADCHUK (vorgetragen von WEBER, H.): Systems approaches to seed composition: analysis of metabolites and transcripts. – GLIP 2nd Annual Meeting, Montpellier/France, 20.–23.02.2006 (20.02.2006).
- V276. WEBER, H. & K.P. GÖTZ (vorgetragen von WEBER, H.): Carbon/nitrogen allocation and seed sink strength: determinism of seed growth potential and sink strength. – GLIP 2nd Annual Meeting, Montpellier/France, 20.–23.02.2006 (21.02.2006).
- V277. WEBER, H., C. SEILER, N. WEICHERT & W. WESCHKE (vorgetragen von WEBER, H.): Relationship between senescence-induced N remobilisation and seed filling in barley. – Vorbereitungstreffen Seneszenz-Schwerpunkt, Hannover (05.05.2006).
- V278. WEBER, H.: Manipulation von Stickstoffaufnahme und Speicherproteinmetabolismus in Leguminosensamen. – Öffentliche Sitzung der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, Gatersleben, 07.–08.06.2006 (08.06.2006).
- V279. WEBER, H., R. RADCHUK, W. WESCHKE, N. WEICHERT, H. WEICHERT, K.-P. GÖTZ & I. SAALBACH (vorgetragen von WEBER, H.): Modulating crop seed maturation and metabolism by transgenic approaches: effect of ABA/nutrient interactions on regulatory networks in seeds. – Minerva Workshop, Rehovot/Israel (27.09.2006).
- V280. WEBER, H., K. WEIGELT & I. SAALBACH (vorgetragen von WEBER, H.): Gezielte Erhöhung des Proteingehaltes in Futtererbsen durch Veränderung pflanzlicher Gene. – InnoPlanta Statusseminar, IPK Gatersleben (19.10.2006).
- V281. WEICHERT, N.: Transgener Winterweizen – Anfang eines gemeinsamen Weges von klassischer Züchtung und grüner Gentechnik? – 57. Jahrestagung der GPZ 'Pflanzenzüchtung und Genomanalyse', Gumpenstein/Austria, 21.–23.11.2006 (23.11.2006).
- V282. WESCHKE, W.: 3D/4D modelling and visualization of spatio-temporal expression patterns in the barley endosperm. – European Training and Networking Activity (ETNA) Summer School on Metabolite Profiling and Data Analysis, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm und Universität Potsdam, Potsdam, 20.–29.09.2006 (21.09.2006).
- V283. WESCHKE, W.: Genetisch neuer Winterweizen mit erhöhtem Korn-Proteingehalt. – Stiftungsrat-Sitzung, IPK Gatersleben (13.10.2006).
- V284. WESCHKE, W.: Genetisch neuer Winterweizen mit erhöhtem Korn-Proteingehalt. – InnoPlanta Statusseminar, Gatersleben (19.10.2006).
- V285. Willner, E.: Procedures and standards in collection management: the IPK Genebank and its oil crops collection. – Ad hoc meeting on the European collections of *Brassica*,

- Prague/Czech Republic (20.01.2006).
- V286. WILLNER, E.: Die *Brassica* Sammlung der IPK Genbank – Entwicklung und Tendenzen. – Öffentliche Sitzung der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, Gatersleben, 07.–08.06.2006 (08.06.2006).
- V287. WILLNER, E. & K.J. DEHMER (vorgetragen von WILLNER, E.): Collection of new genetic diversity of the genus *Poa* and documentation in the European *Poa* Database (EPDB). – Institutstag IPK, Gatersleben (10.10.2006).
- V288. WITZEL, K., H.-P. MOCK & A. MATROS (vorgetragen von WITZEL, K.): Proteome analysis of a barley mapping population. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (01.06.2006).
- V289. WITZEL, K.: Proteome analysis of a barley mapping population. – PROTEOMLUX 2006, Luxembourg/Luxembourg, 11.–14.10.2006 (13.10.2006).
- V290. WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell differentiation into hepatic phenotypes. – Falk Research Workshop 'Liver Regeneration, Stem Cells and Transdifferentiation', Leipzig, 19.–20.01.2006 (19.01.2006).
- V291. WOBUS, A.M.: Stammzellforschung: Perspektiven und Probleme in Deutschland. – Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften, Berlin (09.02.2006).
- V292. WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell-derived cardiac, neuronal and pancreatic cells: model systems to study toxicological effects. – BRS/UKEMS Joint Meeting, University of Warwick, Warwick/UK, 19.–22.03.2006 (22.03.2006).
- V293. WOBUS, A.M.: Reprogramming of pluripotent cells from adult tissues. – NOVARTIS Ethics Advisory Board, Basel/Switzerland (03.05.2006).
- V294. WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell differentiation into the pancreatic and hepatic lineage. – Institut für Biologische Grenzflächen (IBG) FZK, Karlsruhe (09.05.2006).
- V295. WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell-derived pancreatic and hepatic differentiation. – 26th Blankenese Conference 'Energy metabolism: from feeding behavior to metabolic diseases', Hamburg (21.05.2006).
- V296. WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell differentiation into the pancreatic and hepatic lineage. – Zentrum Pharmakologie und Toxikologie der Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen (12.07.2006).
- V297. WOBUS, A.M.: ES cell generation of insulin-producing cells and characterization of potential pancreatic progenitors. – International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006 (25.09.2006). Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, p.51.
- V298. WOBUS, A.M.: Embryonic stem cell differentiation into the pancreatic and hepatic lineage. – Sonderforschungsbereich SFB 575 'Experimentelle Hepatologie', Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (24.10.2006).
- V299. WOBUS, A.M.: Potentiale und Probleme der Stammzellforschung. – Workshop 'Das Neue um jeden Preis? Wissenschaft im Spannungsfeld von Ethik und Fortschritt'. Tagung des Cusanuswerks, Berlin (10.11.2006).
- V300. WOBUS, A.M.: Hepatic differentiation of ES cells and cultivation of cord blood-derived progenitor cells. – Kick-off Meeting, EU FP6 'THERCORD', Milano/Italy (29.11.2006).
- V301. WOBUS, U.: Molecular physiology of seed development. – Wissenschaftszentrum Weihenstephan der TU München, Freising (02.02.2006).
- V302. WOBUS, U.: GABI-SEED II: Barley as a model and a crop: gene expression networks determining seed traits. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006 (22.02.2006).
- V303. ZAYNALI NEZHAD, K.: Molecular mapping of QTLs determining post anthesis drought tolerance. – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (23.01.2006).
- V304. ZAYNALI NEZHAD, K., A. BÖRNER, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER (vorgetragen von ZAYNALI NEZHAD, K.): Phenotyping and genotyping of a new wheat mapping population with respect to post anthesis drought tolerance. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006 (30.05.2006).
- V305. ZAYNALI NEZHAD, K.: Preliminary results from constructing a new wheat genetic map with respect to drought tolerance. – Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (01.11.2006).
- V306. ZIEROLD, U., D. DOUCHKOV, A. HIMMELBACH, J. KUMLEHN & P. SCHWEIZER (vorgetragen von ZIEROLD, U.): Overexpression and gene silencing of *HvSNAP34* and *HvThioredoxin* in the susceptible barley line Golden Promise: gene found in a complex approach identifying PR-genes. – International symposium 'Non-Specific and Specific Innate and Acquired Plant Resistance', Budapest/Hungary, 31.08.–03.09.2006 (02.09.2006).

Poster/Posters

- P1. ACHIGAN-DAKO, E.G., A. AHANCHEDE, A. GRANER & F. BLATTNER: Diversity of cucurbits in the phytogeographic regions of West Africa and phylogenetic relationships among species. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P2. ACHIGAN-DAKO, E.G. & F.R. BLATTNER: Collection and analysis of West African Cucurbitaceae germplasm. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P3. AGUECI, F. & A. HOUBEN: Characterization of the NIMA-like kinase in *Arabidopsis thaliana*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P4. AHKAMI, A.H., U. DRÜGE, M. BUCHER, P. FRANKEN, S. GIANNINAZZI, B. HAUSE, S. PORFIROVA & M. HAJIREZAEI: Molecular and physiological analysis of adventitious root development (ARD) in *Petunia*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P5. AMME, S., C. HEDTMANN, A. MATROS & H.-P. MOCK: Functional analysis of STINT – a stress-induced protein of *N. tabacum*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P6. AMME, S., C. HEDTMANN, A. MATROS & H.-P. MOCK: Stress response networks in tobacco trichomes. – PROTEOMLUX 2006, Luxembourg/Luxembourg, 11.–14.10.2006.
- P7. ATHMER, B., G. KOCSY, G. GALIBA & N. STEIN: Expression profiling of cold responsive genes in barley, wheat and rye. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P8. BACHMANN, H., T. FUNKE, C. KUENNE, E. LANGER, M. MOHR, A. STEPHANIK, T. THIEL, U. SCHOLZ, S. WEISE & I. GROSSE: The Plant Bioinformatics Portal. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P9. BAIER, C. & F.R. BLATTNER: Phylogeographic and population genetic studies on the Bornean obligate myrmecophyte *Macaranga winkleri* (Euphorbiaceae). – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.–28.09.2006.
- P10. BAIER, C. & F.R. BLATTNER: Phylogeographic and population genetic studies on the Bornean obligate myrmecophyte *Macaranga winkleri* (Euphorbiaceae). – Institutstag IPK, Ga-

- tersleben, 10.10.2006.
- P11. BANAEI, A., F. METTE & A. HOUBEN: Analysis of the relationship between heterosis and epigenetic modification of DNA and histones. – DFG Meeting 'Chromatin mediated biological decisions', Marburg, 05.–07.10.2006.
- P12. BAROUX, C., A. PECINKA, J. FUCHS & I. SCHUBERT: The triploid endosperm genome from a nuclear organisation point-of-view: when maternal chromatin ties the knot. – Swiss Plant Biology Meeting, Bad Ragaz/Switzerland, 15.–17.03.2006.
- P13. BERR, A., M. LYSAK, F. BLATTNER & I. SCHUBERT: Karyotype evolution and chromosome number reduction within the genus *Arabidopsis*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P14. BERR, A., M.A. LYSAK, F.R. BLATTNER & I. SCHUBERT: Karyotype evolution and chromosome number reduction within the genus *Arabidopsis*. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GENT-PO-11, p. 196.
- P15. BERR, A., A. PECINKA, A. MEISTER, G. KRETH & I. SCHUBERT: Chromosome arrangement and nuclear architecture are largely conserved during evolution of the genus *Arabidopsis*. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-PO-3, p. 57.
- P16. BHAT, P.R., L. RAMSAY, N. ROSTOKS, N. STEIN, R. VARSHNEY, J. MANDAL, R.D. FENTON, J.T. SVENSSON, K. KOTHAKONDA, P. CONDAMINE, S. WANAMAKER, A. GRANER, R. WAUGH, M.L. ROOSE & T.J. CLOSE: Mapping 1153 SNPs in barley using an oligonucleotide pool assay. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTPB-PO-2, p. 141.
- P17. BORISJUK, L., M. ROKITTA, T. NEUBERGER, N. SREENIVASULU, T. RUTTE, C. GÖGEL, I. FEUSSNER, U. WOBUS & H. ROLLETSCHKE: Quantitative *in vivo* imaging of lipid in crop seeds. – 4th EuroFedLipid Meeting, Madrid/Spain, 01.–04.10.2006.
- P18. BRÜB, C., F. BOLLENBECK, F.-M. SCHLEIF, W. WESCHKE, T. VILLMANN & U. SEIFFERT: Fuzzy image segmentation with fuzzy labelled neural gas. – 14th European Symposium on Artificial Neural Networks (ESANN), Bruges/Belgium, 26.–28.04.2006.
- P19. BRÜB, C., F. BOLLENBECK, F.-M. SCHLEIF, W. WESCHKE, T. VILLMANN & U. SEIFFERT: Fuzzy image segmentation of cross-sections of developing barley seeds. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P20. CARCHILAN, M., S. MARSCHNER & A. HOUBEN: Transcription and chromatin analyses of B chromosome. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P21. CARCHILAN, M., S. MARSCHNER & A. HOUBEN: Transcription and chromatin analyses of B chromosome. – DFG Meeting 'Chromatin mediated biological decisions', Marburg, 05.–07.10.2006.
- P22. CARCHILAN, M., S. MARSCHNER & A. HOUBEN: Transcription and chromatin analyses of B chromosome. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P23. CHIANCONE, B., N. LEVY GUARDA, I. OTTO, J. KUMLEHN & M.A. GERMANÁ: Isolated microspore culture in the fruit tree species *Prunus avium*, *Eriobotrya japonica*, *Olea europaea* and *Opuntia ficus-indica*. – Meeting on Gametic Embryogenesis, Vienna/Austria, 10.–11.02.2006.
- P24. CHIANCONE, B., N. LEVY GUARDA, I. OTTO, J. KUMLEHN & M.A. GERMANÁ: Anther and isolated microspore culture in the fruit tree species *Prunus avium* L. – 50th Annual Congress Societa 'Italiana di Genetica Agraria', Ischia/Italy, 10.–14.09.2006.
- P25. CORRAL, J.M., M. PUENTE MOLINS, G. BARCACCIA, E. ALBERTINI, F. MATZK, J. MARON & T.F. SHARBEL: The population genomics of apomixis in *Hypericum perforatum*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P26. CZAUDERNA, T., U. SEIFFERT & F. SCHREIBER: Application of TSP algorithms for ordering graphs as visualisation preprocessing. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P27. CZAUDERNA, T., S. PETEREK, A. MATROS, H.-P. MOCK & U. SEIFFERT: CHROMAViNs3D: an interactive visualisation and inspection tool for complex HPLC data. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P28. DANIEL-WOJCICK, A., I. SCHROEDER & A.M. WOBUS: Influence of the demethylating agent 5-aza-2'-deoxycytidine on hepatic differentiation of mouse r1 E5 cells. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P29. DEHMER, K.J.: Coloured potatoes and fluorescent SSR markers: managing genetic resources at the Gross Luesewitz Potato Collections (GLKS). – 6th International Solanaceae Conference/90th Annual Meeting of the Potato Association of America/3rd Solanaceae Genome Workshop, Madison/USA, 23.–27.07.2006.
- P30. DEHMER, K.J.: Selection of a universal and multiplexable SSR primer kit for the large-scale genotyping of the IPK potato collections. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P31. DEMIDOV, D., A. TEWES, D. GELEN & A. HOUBEN: Funktionelle Charakterisierung von Aurora Kinasen und der phosphorylierten Form von Histone H3 in *Arabidopsis thaliana*. – 19. Tagung 'Molekularbiologie der Pflanzen', Dabringhausen, 07.–10.03.2006.
- P32. DEMIDOV, D., R. KARIMI, L. VLASENKO, F. AGUECI & A. HOUBEN: Histone H3 phosphorylation and characterization of candidate H3-kinases in plants. – DFG Meeting 'Chromatin mediated biological decisions', Marburg, 05.–07.10.2006.
- P33. DEMIDOV, D., R. KARIMI, L. VLASENKO, F. AGUECI & A. HOUBEN: Histone H3 phosphorylation and characterization of candidate H3-kinases in plants. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P34. DITTBRENNER, A., U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Biodiversität in Arzneipflanzen: morphologische und phytochemische Charakterisierung von *Papaver somniferum* L. (Papaveraceae). – 16. Bernburger Winterseminar für Arznei- und Gewürzpflanzenproduktion, Bernburg, 21.–22.02.2006.
- P35. DITTBRENNER, A., U. LOHWASSER, F.R. BLATTNER & A. BÖRNER: Biosystematic studies of *Papaver somniferum* L.: focussing on morphological and molecular analyses. – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.–28.09.2006.
- P36. DITTBRENNER, A., U. LOHWASSER, F.R. BLATTNER, H.-P. MOCK & A. BÖRNER: Morphological, molecular and phytochemical characterisation of 300 genebank accessions of *Papaver somniferum* L. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P37. DÖLL, S., S. FLEMMING & H. KNÜPFER: Enhancing the quality of IPK's genebank collection site data by georeferencing. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P38. DRÜGE, U., M. BUCHER, P. FRANKEN, S. GIANNINAZZI, B. HAUSE, S. PORFIROVA & M. HAJIREZAEI: Molekularphysiologische Analyse der Adventivwurzelentwicklung. – „Thüringen innovativ“, Jena, 14.–16.07.2006.
- P39. ENDRESEN, D.T.F., J. BÄCKMAN, S. GAJI & H. KNÜPFER: Exchange of germplasm datasets with PyWrapper/BioCASE. – Annual Meeting and Symposium of the Taxonomic Databases Working Group, St. Louis/USA, 15.–22.10.2006.
- P40. ENSEAT-WASER, R., D. RUAU, C. HACKER, C. SCHMITTWOLF, A. ROLLETSCHKE, T. HIERONYMUS, A.M. WOBUS, A.M. MÜLLER & M. ZENKE: Epigenetic modification of neurosphere cells induces

- embryonic and hematopoietic stem cell genes. – International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006. Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, P.112.
- P41. FLOB, D. & U. CONRAD: Evaluating ELP fusions for the production of recombinant anti-HIV antibodies in tobacco plants. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P42. FLOB, D. & U. CONRAD: Transgenic tobacco plants as production factories for two anti HIV antibody-ELP fusion proteins. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P43. FUCHS, J. & I. SCHUBERT: Concerted evolution of histone methylation marks and other chromatin features? – Begutachtungsworkshop zum Schwerpunkt Biowissenschaften 'Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung', Halle/S., 29.03.2006.
- P44. FUNKE, T., A. GRANER, J. KELLER, H. KNÜPFER, C. KUENNE, T. RAJICIC, U. SCHOLZ, A. STEPHANIK, T. THIEL, S. WEISE, E. WILLNER & I. GROSSE: Databases and applications for plant genetic resources. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P45. GIANG, V.T.H., A. BÖRNER, N. STEIN & A. GRANER: Towards cloning of the barley semi-dwarf gene *sdw3*. – 3rd European Plant Society Organisation Conference, Visegrad/Hungary, 28.05.–01.06.2006.
- P46. GIANG, V.T.H., A. BÖRNER, N. STEIN & A. GRANER: Towards cloning of the barley semi-dwarf gene *sdw3*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P47. GOEDEKE, S., G. HENSEL, S. BROEDERS, I. SAALBACH & J. KUMLEHN: Expression rekombinanter Proteine im Endosperm von Gerste (*Hordeum vulgare*). – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Votr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 30.
- P48. GOEDEKE, S., G. HENSEL, I. SAALBACH, S. BROEDERS & J. KUMLEHN: Production of recombinant protein in transgenic barley grains. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P49. GONZÁLEZ-MELENDI, P., C. RAMÍREZ, P.S. TESTILLANO, J. KUMLEHN & M.C. RISUENO: Dynamics and mechanism of the spontaneous diploidization in barley microspore embryogenesis: a 3D confocal approach. – International Congress 'Haploids in Higher Plants III', Vienna/Austria, 12.–5.02.2006.
- P50. GOTTWALD, S., P. BAUER, L. ALTSCHMIED & N. STEIN: A TILLING population for functional genomics in barley cv. 'Barke'. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P51. GOTTWALD, S., P. BAUER, L. ALTSCHMIED & N. STEIN: A TILLING population for functional genomics in barley cv. 'Barke'. – GABI-Future-Partnering Day, airport Köln, 11.08.2006.
- P52. GOTTWALD, S., P. BAUER, L. ALTSCHMIED & N. STEIN: A TILLING population for functional genomics in barley cv. 'Barke'. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P53. GOTTWALD, S., P. BAUER, L. ALTSCHMIED & N. STEIN: A TILLING population for functional genomics in barley cv. 'Barke'. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P54. GRAFAHREND-BELAU, E., B.H. JUNKER, C. KLUKAS, D. KOSCHÜTZKI & F. SCHREIBER: From potato to barley – modelling and simulation of central metabolism. – International Workshop on Integrative Bioinformatics, 3rd Annual Meeting, Rothamsted Research, Harpenden/UK, 04.–06.09.2006.
- P55. GRAFAHREND-BELAU, E., B.H. JUNKER, C. KLUKAS, D. KOSCHÜTZKI & F. SCHREIBER: From potato to barley – modelling and simulation of central metabolism. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P56. GRAU, J., I. BEN-GAL, A. GOHR, S. POSCH & I. GROSSE: VOMBAT: A Web-server for predicting transcription factor binding sites using Variable Order Bayesian Trees. – 'The Biology of Genomes', Cold Spring Harbor/USA, 10.–14.05.2006.
- P57. GROSSE, I., A. GOHR, J. KEILWAGEN, V. ZIEGLER & S. HOUGARDY: Reconstruction of Bayesian networks from mRNA and metabolite expression data. 'Systems Biology: global regulation of gene expression', Cold Spring Harbor/USA, 23.–26.03.2006.
- P58. GROSSE, I., A. GOHR, J. KEILWAGEN, V. ZIEGLER & S. HOUGARDY: Reconstruction of Bayesian networks from mRNA and metabolite expression data. – 'The Biology of Genomes', Cold Spring Harbor/USA, 10.–14.05.2006.
- P59. GURUSHIDZE, M., R.F. BLATTNER & R.M. FRITSCH: Congruent nuclear and chloroplast phylogenies strongly contradict morphology in *Allium* subgenus *Melanocrommyum*. – 'Botany 2006' California State University, Chico/USA, 28.07.–02.08.2006.
- P60. GURUSHIDZE, M., R.F. BLATTNER & R.M. FRITSCH: Congruent molecular data sets vs. contradicting morphology in *Allium*: phylogenetic pattern or hybridization and uniparental inheritance? – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P61. HÄHNEL, U., H. MAUCHER, A. CZIHAI, J. KUMLEHN, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Promoters and genes for egg cell functions from barley and *Arabidopsis*. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P62. HÄHNEL, U., A. JOHNSTON, D. KOSZEGI, J. TIEDEMANN, A. CZIHAI, U. GROSSNIKLAUS, J. KUMLEHN, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Potential transcription factor genes from barley and *Arabidopsis* specifically expressed in the egg apparatus. – 19. Tagung 'Molekularbiologie der Pflanzen', Dabringhausen, 07.–10.03.2006.
- P63. HANEMANN, A., R. COSSU, M.S. RÖDER & G.F. SCHWEIZER: Map-based cloning of the scald resistance gene *Rrs2* in barley (*Hordeum vulgare* L.). – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P64. HANEMANN, A., R. COSSU, G.F. SCHWEIZER & M.S. RÖDER: Map-based cloning of the scald resistance gene *Rrs2* in barley (*Hordeum vulgare* L.). – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTPB-PO-35, p. 174.
- P65. HASENEYER, G., S. STRACKE, H.H. GEIGER & A. GRANER: Toward association between gene polymorphism and trait variation in a barley genebank collection. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P66. HASENEYER, G., S. STRACKE, S. SAUER, A. GRANER & H.H. GEIGER: Molecular and phenotypic variation in a barley collection. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P67. HIMMELBACH, A., F. BEIER, G. HENSEL, J. KUMLEHN & P. SCHWEIZER: Isolation of pathogen-regulated promoters in barley (PRO-GABI). – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P68. HIMMELBACH, A., G. HENSEL, J. KUMLEHN & P. SCHWEIZER: Isolation of pathogen-regulated promoters in barley (PRO-GABI). – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P69. JAKOB, S.S. & R.F. BLATTNER: Combining phylogeography with ecological niche modeling reveals speciation mechanisms within Mediterranean *Hordeum marinum* (Poaceae). – 'Botany 2006' California State University, Chico/USA, 28.07.–02.08.2006.
- P70. JEDELSKA, J., M. KEUSGEN & R.M. FRITSCH: Sulphur chemistry of drumstick onions (*Allium* subgenus *Melanocrommyum*). – International Congress and 54th Annual Meeting of the Society for Medicinal Plant Research, Helsinki/Finland, 29.08.–02.09.2006.
- P71. JIN, Z., M. KUHLMANN & M.F. METTE: Role of DNA methylation in

- control of endogenous pararetrovirus sequences in *Nicotiana tabacum*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P72. JOVTCHEV, G., M.F. METTE & I. SCHUBERT: Einfluss von DNA Sequenz, Sequenzorganisation und epigenetischen Modifikationen auf die lokale Chromatinanordnung in *Arabidopsis*-Zellkernen. – Begutachtungsworkshop zum Schwerpunkt Biowissenschaften 'Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung', Halle/S., 29.03.2006.
- P73. JOVTCHEV, G., A. PECINKA, M.F. METTE & I. SCHUBERT: Tandem repeats can alter chromatin arrangement in *Arabidopsis thaliana* nuclei. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-PO-16, p. 70.
- P74. JUNKER, B.H., C. KLUKAS & F. SCHREIBER: VANTED: data analysis in the network context. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P75. KACZMARCZYK, A., D. K. HINCHA & E.R.J. KELLER: Determination of cold tolerance of wild- and cultivated potatoes to explore presumable links to cryopreservation results. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P76. KACZMARCZYK, A., E.R.J. KELLER, M. MELZER & T. RUTTEN: Ultrastructural analysis of potato cryopreservation using the droplet method. – 43rd. Annual Meeting of the Society for Cryobiology and Society of Low Temperature Biology 'Cryo 2006', Hamburg, 24.–27.07.2006.
- P77. KACZMARCZYK, A., E.R.J. KELLER, M. MELZER & T. RUTTEN: Ultrastructural analysis of potato cryopreservation using the droplet method. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P78. KAPUSI, E., M.-J. CORONADO, C. MARTHE, I. OTTO, G. HENSEL, S. BROEDERS & J. KUMLEHN: Elimination of selectable marker genes via segregation of uncoupled T-DNAs in populations of doubled haploid barley. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P79. KAPUSI, E., G. HENSEL, M.J. CORONADO, S. BROEDERS, C. MARTHE, I. OTTO & J. KUMLEHN: Generation of selectable marker-free doubled haploids from primary transgenic barley plants. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P80. KEUSGEN, M. & R.M. FRITSCH: Onions of the *Allium* subgenus *Melanocrommyum* – the better garlic? – International Congress and 54th Annual Meeting of the Society for Medicinal Plant Research, Helsinki/Finland, 29.08.–02.09.2006.
- P81. KHLESTKINA, E.K., T.A. PSHENICHNIKOVA, M.S. RÖDER, V.S. ARBUZOVA, E.A. SALINA & A. BÖRNER: The use of microsatellite markers for comparative mapping of homoeologous genes in wheat. – 2nd International Tandem Repeat Consortium Workshop on the Bioinformatics, Genomics and Functionality of Microsatellites and VNTRs, Budapest/Hungary, 08.–11.09.2006.
- P82. KNOBLOCH, P. & G. KUNZE: Production of anthocyanase by the non-conventional yeast *Arxula adenivorans*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P83. KOSCHÜTZKI, D., B. JUNKER & F. SCHREIBER: CentiBiN: centralities in biological networks. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P84. KOSCHÜTZKI, D., F. SCHREIBER & H. SCHWÖBBELMEYER: From motifs to centralities – ranking of gene-regulatory elements based on functional substructures. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P85. KOSZEGI, D., A. CZIHAL, J. TIEDEMANN, U. HÄHNEL, S. PRODANOVIC, F. ARZENTON, A. JOHNSTON, U. GROSSNIKLAS, F. MATZK, F. BLATTNER, J. KUMLEHN, I. SCHUBERT, L. ALTSCHMIED & H. BÄUMLEIN: Apomixis – preliminary lessons from wheat egg cells, *Hypericum perforatum* and *Arabidopsis thaliana*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P86. KOSZEGI, D., A. CZIHAL, J. TIEDEMANN, U. HÄHNEL, S. PRODANOVIC, F. ARZENTON, A. JOHNSTON, U. GROSSNIKLAS, F. MATZK, F. BLATTNER, J. KUMLEHN, I. SCHUBERT, L. ALTSCHMIED & H. BÄUMLEIN: Apomixis – preliminary lessons from wheat egg cells, *Hypericum perforatum* and *Arabidopsis thaliana*. – 19th International Congress on Sexual Plant Reproduction (ICSPR), Budapest/Hungary, 11.–15.07.2006.
- P87. KOSZEGI, D., F. ARZENTON, F. BLATTNER, F. MATZK & H. BÄUMLEIN: A putative apospory marker in *Hypericum*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P88. KRÜGER, Y., K. WATZKE, A. SPINDLER, K. TAG, R. WATZKE & G. KUNZE: Different methods to identify arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P89. KUENNE, C., A. GRANER, U. SCHOLZ, N. STEIN, T. THIEL, R.K. VARSHNEY & I. GROSSE: Prediction of genetic mapping positions using sequence alignments. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P90. KUENNE, C., A. GRANER, U. SCHOLZ, N. STEIN, T. THIEL, R.K. VARSHNEY & I. GROSSE: Prediction of genetic mapping positions. – 'The Biology of Genomes', Cold Spring Harbor/USA, 10.–14.05.2006.
- P91. KUENNE, C., A. GRANER, U. SCHOLZ, N. STEIN, T. THIEL, R.K. VARSHNEY & I. GROSSE: Prediction of genetic mapping positions using sequence alignments. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P92. KUHLMANN, M., U. FISCHER, R. SCHMIDT & M.F. METTE: Contribution of target transgene position and structure to RNA-directed promoter methylation and TGS. – 3rd European Plant Society Organisation Conference, Visegrad/Hungary, 28.05.–01.06.2006.
- P93. KUHLMANN, M., U. FISCHER, A. PECINKA, R. SCHMIDT & M.F. METTE: Contribution of target transgene position to RNA-directed promoter methylation and TGS. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-ST-2/ERT-PO-1, p. 55.
- P94. KUHLMANN, M., U. FISCHER, K. RICHERT-PÖGGELER, Q. HU, R. SCHMIDT & M.F. METTE: Molecular-genetic analysis of RNA-directed transcriptional gene silencing (TGS) in *Arabidopsis thaliana*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P95. KUHLMANN, M. & M.F. METTE: Functional characterisation of the putative siRNase AtERI in *Arabidopsis thaliana*. – 4th Meeting of the GBM study section RNA-Biochemistry 'RNA Biochemistry & microRNAs, Kassel, 12.–15.10.2006.
- P96. KUHLMANN, M., U. FISCHER, A. PECINKA, R. SCHMIDT & M.F. METTE: Target position affects RNA-directed DNA methylation and transcriptional gene silencing. – 4th Meeting of the GBM study section RNA-Biochemistry 'RNA Biochemistry & microRNAs, Kassel, 12.–15.10.2006.
- P97. KUMLEHN, J.: *Agrobacterium*-mediated gene transfer to androgenic pollen cultures of barley and its biotechnological application. – 11th IAPTC&B Congress on Plant Tissue Culture & Biotechnology, Beijing/China, 13.–18.08.2006.
- P98. LANGE, M., N. SREENIVASULU & U. SCHOLZ: Database networks: a basis for functional classification of biological data. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P99. LANGE, M. & U. SCHOLZ: Data Networks: interconnecting molecular measurements and knowledge in life science databases. – International Workshop on Integrative Bioinformatics, 3rd Annual Meeting, Rothamsted Research, Harpenden/UK, 04.–06.09.2006.
- P100. LANGE, M., B. STEUERNAGEL, A. STEPHANIK, T. RUTKOWSKI & U. SCHOLZ: Functional profiles of gene expression data. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.

- P101. LAUNHOLT, D., T. MERKLE, A. HOUBEN, A. SCHULZ & K.G. GRASSER: Nuclear localisation and dynamics of chromatin-associated HMG proteins. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-PO-8, p. 62.
- P102. LERMONTOVA, I., V. SCHUBERT, J. FUCHS, S. KLATTE, J. MACAS & I. SCHUBERT: Loading of *Arabidopsis* centromeric histone CENH3 occurs mainly during G2 and requires the presence of the histone fold domain. – 2nd Congress of the International Cytogenetics and Genome Society, University of Kent, Canterbury/UK, 25.–29.06.2006.
- P103. LERMONTOVA, I., V. SCHUBERT, J. FUCHS, S. KLATTE, J. MACAS & I. SCHUBERT: Loading of *Arabidopsis* centromeric histone CENH3 occurs mainly during G2 and requires the presence of the histone fold domain. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-PO-2, p. 56.
- P104. LERMONTOVA, I., V. SCHUBERT, J. FUCHS, S. KLATTE, J. MACAS & I. SCHUBERT: Loading of *Arabidopsis* centromeric histone CENH3 occurs mainly during G2 and requires the presence of the histone fold domain. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P105. LOHWASSER, U., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: QTL-Kartierung von Auswuchs und Dormanz zur Qualitätsverbesserung bei Weizen (*Triticum aestivum* L.) und Gerste (*Hordeum vulgare* L.). – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 5.
- P106. LOHWASSER, U., A. BÖRNER & A. GRANER: Establishing a quality management system for the IPK-Genebank. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P107. MALYSHEVA-OTTO, L. & M. RÖDER: Haplotype diversity in the endosperm specific β -amylase gene *Bmy1* of cultivated barley. – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 26.
- P108. MALYSHEVA-OTTO, L. & M.S. RÖDER: Haplotype diversity in the endosperm specific β -amylase gene *Bmy1* of cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.). – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTPB-PO-22, p. 161.
- P109. MALYSHEVA-OTTO, L., M.W. GANAL, J.R. LAW, J.C. REEVES & M.S. RÖDER: Temporal trends of genetic diversity in European barley cultivars (*Hordeum vulgare* L.). – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTPB-PO-23, p. 162.
- P110. MALYSHEVA-OTTO, L., M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Genome-wide and intragenic evaluation of linkage disequilibrium in cultivated barley *Hordeum vulgare* L. opens the way to association studies. – European Science Foundation (ESF) Conference 'Crop Genomics, Trait Analysis and Breeding', Hinxton/UK, 08.–11.11.2006.
- P111. MALYSHEVA-OTTO, L. & M. RÖDER: Haplotype diversity in the endosperm specific β -amylase gene *Bmy1* of cultivated barley. – 57. Tagung 'Pflanzenzüchtung und Genomanalyse', Raumberg-Gumpenstein/Austria, 21.–23.11.2006.
- P112. MARCEL, T.C., R.K. VARSHNEY, M. BARBIERI, H. JAFARY, A. GRANER & R.E. NIKS: A high-density consensus map of barley to analyse the distribution of QTLs and candidate genes for partial resistance to *Puccinia hordei*. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P113. MATROS, A., S. AMME, J. LANGRIDGE & H.-P. MOCK: Proteome analysis of cold stress response in *A. thaliana*. – 17th International Mass Spectrometry Conference, Prague/Czech Republic, 27.08.–01.09.2006.
- P114. MATTHIES, I.E., M.S. RÖDER & A. GRANER: GABI-MALT: An integrated approach to the genetic and functional dissection of malting quality in barley – SNP-detection and haplotype analysis in candidate genes for malting. – 6th GABI Status-seminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P115. MATTHIES, I., M. RÖDER & A. GRANER: SNP-Detektion und Haplotypen-Analyse von Kandidatengenen für Malzqualität bei Gerste. – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 24.
- P116. MATTHIES, I.E., M.S. RÖDER, S. WEISE & U. SCHOLZ: SNP-detection and haplotype analysis in candidate genes with impact on malting quality. – 1st Joint Conference of the German Society for Plant Nutrition – DGP and the Research Centre Biotechnology & Plant Breeding University Hohenheim 'Plant Nutrition meets Plant Breeding', Hohenheim, 26.–28.09.2006.
- P117. MATTHIES, I.E., M.S. RÖDER & A. GRANER: GABI-MALT: SNP- and haplotype analysis in candidate genes with impact on malting quality. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTPB-PO-5, p. 144.
- P118. MATTHIES, I.E. & M.S. RÖDER: SNP-detection and haplotype analysis in candidate genes with impact on malting quality. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P119. MATTHIES, I.E., M.S. RÖDER & A. GRANER: GABI-MALT: SNP-detection and haplotype analysis in candidate genes with impact on malting quality. – European Science Foundation (ESF) Conference 'Crop Genomics, Trait Analysis and Breeding', Hinxton/UK, 08.–11.11.2006.
- P120. METZNER, E., J.P.C. VISSERS, S. AMME & H.-P. MOCK: Dynamik von Transkriptom und Proteom der Epidermiszellen pathogenbefallener Gersten. – Begutachterworkshop zum Schwerpunkt Biowissenschaften 'Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung', Halle/S., 30.03.2006.
- P121. MOHR, M., A. GOHR, S. POSCH & I. GROSSE: Identification of transcription factor binding sites with variable order Bayesian networks. – 'Systems Biology: global regulation of gene expression', Cold Spring Harbor/USA, 23.–26.03.2006.
- P122. MOHR, M., A. GOHR, S. POSCH & I. GROSSE: Computational identification of transcription factor binding sites in seed specific promoters in *Arabidopsis thaliana*. – 'The Biology of Genomes', Cold Spring Harbor/USA, 10.–14.05.2006.
- P123. MOHR, M., H. BÄUMLEIN, T. FUNKE, J. GRAU, S. POSCH, J. TIEDEMANN, A. VORWIEGER & I. GROSSE: Analysis of transcription factor binding sites in seed specific promoters in *Arabidopsis thaliana*. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P124. MOHSENI, P., S. SMUKLER, I.S. SCHRÖDER, A. ROLLETSCHKE, D. VAN DER KOOY, A.M. WOBUS & A. NAGY: Role of nestin in early steps of differentiation. – International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006. Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, P.155.
- P125. MÖNKE, G., U. HÄHNEL, B. WEISSHAAR, A. VORWIEGER, T. MY LINH, J. TIEDEMANN, M. MOOR, A. CZIHAL, U. CONRAD, I. GROSSE, L. ALTSCHMIED & H. BÄUMLEIN: Chromatin immunoprecipitation-ChIP/chip of seed specific transcription factors. – Plant Geno-

- mics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P126. MÜNICH, C., M. RAKHIMOVA, K. SCHALLAU, F. JUNGHANS, U. SPOHN & U. CONRAD: Lernen von der Natur: Spinnenseidenproteine aus Pflanzen. - 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006.
- P127. MÜNICH, C., M. RAKHIMOVA, K. SCHALLAU, F. JUNGHANS, U. SPOHN & U. CONRAD: Learning from a natural engineer: spider silk proteins from plants. – Regionale wissenschaftliche Konferenz 'Pflanzenbiotechnologie' veranstaltet durch die IAPTC&B Sektionen Österreichs, Deutschlands und der Schweiz, Vienna/Austria, 22.–24.03.2006.
- P128. NAVAKODE, S., A. WEIDNER, U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Elucidating the genetic control of aluminium tolerance in wheat by nutrient solution culture based approach. – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 21.
- P129. NAVAKODE, S., A. WEIDNER, U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Genetic aspects of aluminium tolerance in wheat. – 1st Joint Conference of the German Society for Plant Nutrition – DGP and the Research Centre Biotechnology & Plant Breeding University Hohenheim 'Plant Nutrition meets Plant Breeding', Hohenheim, 26.–28.09.2006.
- P130. NEUMANN, K., A.F. BALINT, F. SZIRA & A. BÖRNER: Identifizierung von QTLs, verantwortlich für die Toleranz gegenüber Trockenstress in zwei *Hordeum*-Populationen. – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 31.
- P131. NEUMANN, K., A. WEIDNER, R.K. VARSHNEY, M. EL-SCHAL & A. BÖRNER: *Hordeum*: an example for using intergeneric diversity for improving the abiotic stress tolerance. – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.–28.09.2006.
- P132. NGUYEN, H., H. ROLLETSCHKE, L. BORISJUK, U. WOBUS & H. WEBER: Developmental regulation and functional analysis of plastidial metabolite transporter during seed maturation legume. – SFB Tagung, Potsdam, 26.–29.04.2006.
- P133. NGUYEN, L.T. & U. CONRAD: Identification of ABA-dependent and ABA-independent stress-responsive transcription factors in immunomodulated *Arabidopsis* plants at long-term salt stress conditions. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P134. NIKOLOVA, T., M. WU, K. BRUMBAROV, R. ALT, H. OPITZ, K.R. BOHELER, M. CROSS & A.M. WOBUS: WNT-conditioned media differentially affect the proliferation and differentiation of cord-blood-derived CD133⁺ cells *in vitro*. - International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006. Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, P.158.
- P135. NIKOLOVA, T., M. WU, K. BRUMBAROV, R. ALT, H. OPITZ, K.R. BOHELER, M. CROSS & A.M. WOBUS: WNT-conditioned media differentially affect the proliferation and differentiation of cord blood-derived CD133⁺ cells *in vitro*. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P136. NOWARA, D. & P. SCHWEIZER: Evidence for plant-mediated gene silencing in *Blumeria graminis*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P137. NOWARA, D., C. LACOMME & P. SCHWEIZER: RNAi in the obligate biotrophic fungus *Blumeria graminis* – mediated through the host. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P138. ORTLEB, S., R. AGARWAL, J. SAINIS, T. RUTTEN & M. MELZER: Exploring association of photosynthetic enzymes with cyanobacterial thylacoids: an electronmicroscopical approach. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P139. PECINKA, A., A. BERR, V. SCHUBERT, A. MEISTER, G. KRETH, E. LAM, N. KATO, K. WATANABE & I. SCHUBERT: Persistent and dynamic features of chromosome/chromatin arrangement in higher plants. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GENT-PO-8, p. 193.
- P140. PECINKA, A., A. BERR, V. SCHUBERT, A. MEISTER, J. FUCHS, G. KRETH, E. LAM, N. KATO, K. WATANABE, G. JOVTCHEV & I. SCHUBERT: Persistent and dynamic features of chromosome/chromatin arrangement in higher plants. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P141. PELEG, Z., T. FAHIMA, A.B. KOROL, S. ABBO, T. KRUGMAN, A. AVNERI, M.S. RÖDER, E. NEVO, D. YAKIR & Y. SARANGA: Genomic dissection of drought resistance in wild emmer wheat x durum wheat population. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P142. PEROVIC, D., J. WEYEN, J. SCHONDELMAIER, J. FÖRSTER, P. DEVAUX, D. HARIRI, M. GUILLEROUX, D. FEUERHELM, U. SCHOLZ, U. KASTIRR & F. ORDON: Mapping and comparative analysis with rice and barley of *soil-borne cereal mosaic virus* (SBCMV) resistance locus in hexaploid wheat. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. GTPB-PO-38, p. 177.
- P143. PEROVIC, D., A. WINTER, J. WEYEN, J. SCHONDELMAIER, J. FÖRSTER, P. DEVAUX, D. HERIRI, M. GUILLEROUX, D. FEUERHEIM, A. GRANER & F. ORDON: Towards genetic and transcriptional dissection of soil-borne cereal mosaic virus resistance in hexaploid wheat (*Triticum vulgare* spp. *aestivum*). – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P144. PIETSCH, C., M. RÖDER, V. RADCHUK, N. SREENIVASULU, W. WESCHKE & U. WOBUS: GABI-SEED II: marker development and expression QTL analysis of regulating factors in barley seed development. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P145. PIETSCH, C., N. SREENIVASULU, M. STRICKERT, V. RADCHUK, W. WESCHKE, M. RÖDER & U. WOBUS: Expression QTL analysis in barley seed development. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P146. PIETSCH, C., N. SREENIVASULU, M. STRICKERT, V. RADCHUK, W. WESCHKE & U. WOBUS: Expression QTL analysis in barley seed development. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006. Abstr. in: Abstr. Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice, Italy, p. 290.
- P147. PISTRICK, K.: Overview of cultivated plant species in the family Labiatae. – 'The Labiatae: advances in production, biotechnology and utilisation', Sanremo/Italy, 22.–25.02.2006. Abstr. in: Book of abstracts, p. 45.
- P148. PISTRICK, K.: Übersicht der in Deutschland im Freiland angebauten Kulturpflanzen der Familie Cruciferae. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P149. PLEINES, T., S.S. JAKOB & F.R. BLATTNER: Phylogeography patterns in the western North American *Hordeum brachyantherum* group (Poaceae). – 'Botany 2006' California State University, Chico/USA, 28.07.–02.08.2006.
- P150. PLEINES, T., S.S. JAKOB & F.R. BLATTNER: The western North American *Hordeum brachyantherum* group (Poaceae): insights from phylogeography and ecological niche models. – 17th International Symposium 'Biodiversity and Evolutionary Biology', Bonn, 24.–28.09.2006.
- P151. PLEINES, T., S.S. JAKOB & F.R. BLATTNER: The western North American *Hordeum brachyantherum* group (Poaceae): insights from phylogeography and ecological niche models. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.

- P152. POBLENZ, T., S. AMME, A. MATROS & H.-P. MOCK: Protein networks in *Arabidopsis thaliana* cold stress responses. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P153. RADCHUK, R. & H. WEBER: Antisense expression of SnRK1 (Sucrose nonfermenting-1-related protein kinase) in pea seed causes pleiotropic defects of maturation similar to an ABA insensitive phenotype. – GLIP 2nd Annual Meeting, Montpellier/France, 20.–22.02.2006.
- P154. RADCHUK, R., V. RADCHUK, W. WESCHKE, U. WOBUS & H. WEBER: Global gene expression analysis of *Vicia narbonensis* seed over-expressing PEP-carboxylase. – 15th Congress of Federation of European Societies of Plant Biology, Lyon/France, 17.–21.07.2006. Abstr. in: Abstracts of 15th Congress of Federation of European Societies of Plant Biology, Lyon/France, p. 98.
- P155. RADCHUK, R., V. RADCHUK, W. WESCHKE, U. WOBUS & H. WEBER: Global gene expression analysis of *Vicia narbonensis* seeds overexpressing PEP-carboxylase. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P156. RADCHUK, V., L. BORISJUK, R. RADCHUK, H. STEINBISS, H. ROLLETSCHKE & U. WOBUS: The pivotal role of the *Jekyll* gene in maternal-filial interactions during barley grain development. – 3rd European Plant Society Organisation Conference, Visegrad/Hungary, 28.05.–01.06.2006. Abstr. in: Abstracts 3rd European Plant Society Organisation conference, Visegrad/Hungary, p. 129.
- P157. RADCHUK, V., L. BORISJUK, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. STEINBISS, W. WESCHKE & U. WOBUS: Maternal tissues control early development of barley endosperm by promoting the nourishment. – 15th Congress of Federation of European Societies of Plant Biology, Lyon/France, 17.–21.07.2006. Abstr. in: Abstracts of 15th Congress of Federation of European Societies of Plant Biology, Lyon/France, p. 99.
- P158. RADCHUK, V., L. BORISJUK, N. SREENIVASULU, R. RADCHUK, H. STEINBISS, W. WESCHKE & U. WOBUS: Maternal tissues control barley endosperm development by promoting the nourishment. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P159. RAGGI, L., T.F. SHARBEL, E. ALBERTINI & M. FALCINELLI: Genetic and reproductive diversity within and among kentucky bluegrass (*Poa pratensis* L.) worldwide accessions. – 19th International Congress on Sexual Plant Reproduction (ICSPR), Budapest/Hungary, 11.–15.07.2006.
- P160. RIEBESEEL, E., H.T. NGUYEN, R. RADCHUK & H. WEBER: The role of plastidic 2-oxoglutarate/malate translocator (OMT) in carbon and nitrogen metabolism. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P161. RIECHEN, J., U. ZIEROLD, P. SCHWEIZER & J. KUMLEHN: Establishment of broad-band resistance against *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* in *Triticum aestivum* by RNAi-mediated knock-down of MLO. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P162. RITCHIE, M., A.J. WALLACE, J.P.C. VISSERS, S. AMME, M. KIPPING & H.-P. MOCK: Proteome analysis of cold response in *Arabidopsis thaliana*: a 'label free' quantitative proteomic study using LC/MS. – 39. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Massenspektrometrie (DGMS), Mainz, 05.–08.03.2006.
- P163. ROLLETSCHKE, A., I.S. SCHROEDER, H. SCHULZ, N. HUEBNER & A.M. WOBUS: Analysis of pancreatic differentiation by transcriptional profiling of differentiating mouse embryonic stem cells into the pancreatic lineage. – 4th ISSCR Annual Meeting, Toronto/Canada, 29.06.–01.07.2006.
- P164. ROLLETSCHKE, A., C. WIESE, G. KANIA, A. NAVARRETE-SANTOS, S.V. ANISIMOV, B. STEINFARZ, K.V. TARASOV, S.A. BRUGH, I. ZAHANICH, C. RÜSCHENSMIDT, P. BLYSCZCZUK, J.F. HEUBACH, U. RAVENS, L. ST-ONGE, T. BRAUN, O. BRÜSTLE, K.R. BOHELER & A.M. WOBUS: Signals from embryonic fibroblasts induce adult intestinal epithelial cells to form nestin-positive cells with proliferation and multilineage differentiation capacity *in vitro*. – International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006. Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, P.166.
- P165. ROLLETSCHKE, H., L. BORISJUK, H. WEBER & U. WOBUS: Target genes for increasing protein content in crop seeds. – 11th International Congress of Plant Tissue Culture & Biotechnology (IAPTC&B), Peking/China, 13.–18.08.2006.
- P166. ROLLETSCHKE, H., U. WOBUS & L. BORISJUK: Tools for mapping of oil storage metabolism in crop seeds. – 4th EuroFedLipid Meeting, Madrid/Spain, 01.–04.10.2006.
- P167. ROLLETSCHKE, H. & L. BORISJUK: Seed development in oilseed rape. – BayerCropScience, Gent/Belgium, 16.–17.10.2006.
- P168. SAALBACH, I., M. RIEHL, M. GIERSBERG, J. ZIMMERMANN, H. REICHARDT, P. HOFFMEISTER, E. NAGEL, S. KNÜPFER, J. KUMLEHN & D. FALKENBURG: Production of recombinant antibodies in field pea seeds and their oral application in piglets. – 11th IAPTC&B Congress on Plant Tissue Culture & Biotechnology, Beijing/China, 13.–18.08.2006.
- P169. SCHALLAU, K., J. SCHELLER & U. CONRAD: Different methods for the production of spider silk proteins in tobacco plants. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P170. SCHOLZ, A., G. STEINBORN, E. BÖER, I. MÜLLER & G. KUNZE: Production of polyhydroxyalcanoates by non-conventional yeasts. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P171. SCHROEDER, I.S., V.M. FACTOR, J.S. LEE & S.S. THORGEIRSSON: Influence of demethylating agents on *in vitro* differentiation of adult liver stem cells into the hepatocytic lineage. – Falk Research Workshop 'Liver Regeneration, Stem Cells and Transdifferentiation', Leipzig, 19.–20.01.2006.
- P172. SCHROEDER, I.S.: Entwicklung von Strategien zur Differenzierung von ES-Zellen in endodermale Vorläuferzellen und funktionelle hepatische Zellen. – Kick-off Meeting BMBF-Förderschwerpunkt 'Zellbasierte, regenerative Medizin', Berlin, 07.–08.04.2006.
- P173. SCHROEDER, I.S., A. ROLLETSCHKE & A.M. WOBUS: Differentiation of mouse embryonic stem cells into functional pancreatic and hepatic cells. – 3rd International Meeting of the Stem Cell Network North Rhine Westphalia, Münster, 15.–16.05.2006.
- P174. SCHROEDER, I.S., A. ROLLETSCHKE, H. SCHULZ, N. HUEBNER & A.M. WOBUS: Analysis of pancreatic differentiation of embryonic stem cells by transcriptional profiling, real time RT-PCR, and immunocytochemistry. – International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006. Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, P.178.
- P175. SCHROEDER, I.S., A. ROLLETSCHKE, H. SCHULZ, N. HUEBNER & A.M. WOBUS: Analysis of pancreatic differentiation of embryonic stem cells by transcriptional profiling, real-time RT-PCR and immunohistochemistry. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P176. SCHWÖBBERMAYER, H.: Advances and directions of network motif analysis. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P177. SEILER, C., W. WESCHKE, H. WEBER, A. TEWES, L. BORISJUK, M. MIRANDA & U. WOBUS: Peptide transport in legumes – analyzing the role of VfPTR1. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P178. SENULA, A. & E.R.J. KELLER: Kryokonservierung von Minze – Entwicklung einer neuen Vitrifikationsmethode unter Einbeziehung kalteadaptierter Pflanzen. – Regionale wissenschaft-

- liche Konferenz 'Pflanzenbiotechnologie' veranstaltet durch die IAPTC&B Sektionen Österreichs, Deutschlands und der Schweiz, Vienna/Austria, 22.–24.03.2006.
- P179. SHARBEL, T.F., E. ALBERTINI, G. GALLA, S. ANCILLOTTI, J.M. CORRAL, F. MATZK & G. BARCACCIA: Developing and mapping molecular markers in *Hypericum perforatum* L. for investigating apomixis. – 50th Annual Congress Societa 'Italiana di Genetica Agraria', Ischia/Italy, 10.–14.09.2006.
- P180. SHUTOVA, A., I. KAKHOVSKAYA, A. TEWES, J. TIEDEMANN, R. MANTEUFFEL & H. BÄUMLIN: Phylogenetic shadows in fern spore and seed specific gene promoters. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P181. SREENIVASULU, N., V. RADCHUK, M. STRICKERT, W. WESCHKE & U. WOBUS: Transcriptional networks controlling maturation events in endosperm and embryo of developing barley seeds. – International Symposium on Frontiers in Genetics and Biotechnology, Osmania University, Hyderabad/India, 08.–10.01.2006.
- P182. SREENIVASULU, N., V. RADCHUK, M. STRICKERT, U. SEIFFERT, W. WESCHKE & W. WESCHKE: Regulators determining maturation of the barley grain: expression patterns and deduced interaction networks. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P183. SREENIVASULU, N., C. PIETSCH, V. RADCHUK, M. STRICKERT, M. RÖDER, W. WESCHKE & U. WOBUS: Regulators determining seed maturation: a genetical genomic approach. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006. Abstr. in: Abstr. Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice, Italy, p. 298.
- P184. SREENIVASULU, N., V. RADCHUK, B. USADEL, L. BORISJUK, H. ROLLETSCHEK, M. STRICKERT, U. WOBUS & W. WESCHKE: Down-regulation of the ABA response in a barley endosperm mutant is accompanied with delayed starch accumulation. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006. Abstr. in: Abstr. Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice, Italy, p. 256.
- P185. SREENIVASULU, N., V. RADCHUK, M. STRICKERT, M. RÖDER, W. WESCHKE & U. WOBUS: Regulators determining seed maturation: a genetical genomic approach. – EUCARPIA Meeting Cereal Section 'Cereal Science and Technology for feeding ten billion people: genomics era and beyond', Lleida/Spain, 13.–17.11.2006. Abstr. in: Abstracts, p. 77.
- P186. SRETENOVIC RAJICIC, T., C. KUENNE, U. SCHOLZ, E. WILLNER, A. GRANER & K.J. DEHMER: Analysis of the *Lolium* plant genetic resources and development of molecular passports. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P187. STEINBORN, G., E. BÖER, A. SCHOLZ, P. KNOBLOCH & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* – gene donor and host for production of recombinant proteins. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P188. STEUERNAGEL, B., A. STEPHANIK, T. RUTKOWSKI & U. SCHOLZ: Using data warehouse technology for integrative analysis of gene expression data. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P189. STEUERNAGEL, B., A. STEPHANIK, M. LANGE, T. RUTKOWSKI & U. SCHOLZ: Using data warehouse technology for integrative analysis of gene expression data. – International Workshop on Integrative Bioinformatics, 3rd Annual Meeting, Rothamsted Research, Harpenden/UK, 04.–06.09.2006.
- P190. STRACKE, S., P. AZHAGUVEL, F. ORDON, N. STEIN & A. GRANER: Analysis of LD and allele mining at the *Rym4* locus in barley. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P191. STRICKERT, M., N. SREENIVASULU, T. CZAUDERNA, W. WESCHKE & U. SEIFFERT: Novel screening tools for temporal gene expression patterns. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P192. STRICKERT, M., N. SREENIVASULU, W. WESCHKE & U. SEIFFERT: Unsupervised pattern mining in gene expression data. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P193. SZIRA, F., A.F. BÁLINT, A. BÖRNER & G. GALIBA: Az árpa szárazságtűrését befolyásoló QTL-ek térképezése különböző fejlődési fázisokban. Mapping of QTLs for drought tolerance in barley at different developmental stages. – 12. Növénynevelési Tudományos Napok, MTA Budapest/Hungary, 07.–08.03.2006.
- P194. THIEL, T., A. GRANER, S. POSCH, N. STEIN, R.K. VARSHNEY & I. GROSSE: Computational mapping of crop plant ESTs. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P195. THIEL, T., A. GRANER, S. POSCH, N. STEIN, R.K. VARSHNEY & I. GROSSE: Computational mapping of crop plant ESTs. – 'The Biology of Genomes', Cold Spring Harbor/USA, 10.–14.05.2006.
- P196. TIEDEMANN, J., H. ROLLETSCHEK, H.-P. MOCK, C. MILKOWSKI, T. RUTTEN & H. BÄUMLIN: Unrevealing a complex phenotype: a T-DNA insertion line of FUS3 reveals new insight into FUS3 regulated processes. – 19. Tagung 'Molekularbiologie der Pflanzen', Dabringhausen, 07.–10.03.2006.
- P197. TIKHENKO, N., N. TSVETKOVA, A. BÖRNER & A. VOYLOKOV: Genetic study of embryo lethality in wheat-rye hybrids. – International Symposium on Rye Breeding and Genetics, Groß Lüsewitz, 28.–30.06.2006.
- P198. TONACK, S., A. ROLLETSCHEK, A.M. WOBUS, B. FISCHER & A. NAVARRETE-SANTOS: Expression of facilitative glucose transporter isoforms in mouse D3 ES and P19 EC cells. – International Conference 'Embryonic and Somatic Stem Cells: Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair', Dresden, 24.–27.09.2006. Abstr. in: Nova Acta Leopoldina 95 (2006) No. 352, p. 188.
- P199. TRAN, M.L. & U. CONRAD: Search for DNA targets of seed-expressed MYB transcription factors in *Arabidopsis* by chromatin immunoprecipitation. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P200. TRUONG, T.T., I. SCHROEDER, G. KANIA & A.M. WOBUS: Endoderm and pancreatic differentiation from mouse embryonic stem cells. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P201. VARSHNEY, R.K., U. BEIER, E. KHLESTKINA, V. KORZUN, M.S. RÖDER, A. GRANER & A. BÖRNER: Single nucleotide polymorphisms (SNPs) in rye: discovery, frequency and applications for genome mapping and diversity studies. – Plant & Animal Genome Conference XIV, San Diego/USA, 14.–18.01.2006.
- P202. VARSHNEY, A., T. CZAUDERNA, M. MEYSING, G. HENSEL, S. KNÜPFER, C. BOLLMANN, U. SEIFFERT & J. KUMLEHN: Digital image analysis of reporter gene expression in wheat suspension culture following *Agrobacterium*-mediated transformation. – Regionale wissenschaftliche Konferenz 'Pflanzenbiotechnologie' veranstaltet durch die IAPTC&B Sektionen Österreichs, Deutschlands und der Schweiz, Vienna/Austria, 22.–24.03.2006.
- P203. VLAŠENKO, L., A. HOUBEN & D. DEMIDOV: Identification of plant Aurora regulators and substrates. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P204. VOIGT, M.L., M. PIWCZYNSKI, M. MELZER, T. RUTTEN, A. VARSHNEY, J. KUMLEHN, T. MITCHELL-OLDS, L. KANTAMA, H. DE JONG & T.F. SHARBEL: A focus on apomix initiation in the facultative *Boehera holboellii* complex. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P205. VORWIEGER, A., A. CZIHAL, J. TIEDEMANN, M.L. TRAN, G. MÖNKE, U. CONRAD, I. GROSSE, L. ALTSCHMIED, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLIN: *Arabidopsis* seed development: towards a regulatory network of transcriptional factors and target genes. – 2nd ISC IPK

- student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P206. VORWIEGER, A., A. CZIHAL, J. TIEDEMANN, M.L. TRAN, G. MÖNKE, U. CONRAD, I. GROSSE, L. ALTSCHMIED, B. WEISSHAAR & H. BÄUMLEIN: *Arabidopsis* seed development: towards a regulatory network of transcriptional factors and target genes. – 19th International Congress on Sexual Plant Reproduction (ICSPR), Budapest/Hungary, 11.–15.07.2006.
- P207. WATZKE, K., A. SPINDLER, R. WATZKE & G. KUNZE: Differential expression of *Glomus intraradices* genes during the presymbiotic and symbiotic phase of the fungus. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P208. WATZKE, K., K. TAG, A. SPINDLER, R. WATZKE, E. SIEVERDING & G. KUNZE: Identification of *Glomus intraradices* strains in commercial inocula substrates by using molecular biological methods. – 5th International Conference on Mycorrhiza 'Mycorrhiza for Science and Society', Granada/Spain, 23.–27.07.2006.
- P209. WATZKE, K., K. TAG, A. SPINDLER, R. WATZKE, E. SIEVERDING & G. KUNZE: Identification of *Glomus intraradices* strains in commercial inocula substrates by using molecular biological methods. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P210. WEBER, H., R. RADCHUK, N. WEICHERT, N. SREENIVASULU, V. RADCHUK, H. WEICHERT & W. WESCHKE: Modulating seed maturation by transgenic approaches: effects of improved nutrient status on regulatory networks in seed development. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006. Abstr. in: Abstr. Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice, Italy, p. 237.
- P211. WEICHERT, N., R. SCHACHSCHNEIDER & W. WESCHKE: Increasing the protein content in winter wheat grains. – BIO 2006 Chicago Annual International Convention, Chicago/USA, 09.–12.04.2006.
- P212. WEIDNER, A., G.H. BUCK-SORLIN, R.K. VARSHNEY & A. BÖRNER: Züchtung auf Salztoleranz – Beitrag der Genbank Gatersleben zur Ernährungssicherung. – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 20.
- P213. WEIDNER, A., F. ASCH, S.A.W. DADSHANI, G.H. BUCK-SORLIN & A. BÖRNER: Improving crop salt tolerance: a worldwide challenge for plant nutrition and plant breeding. – 1st Joint Conference of the German Society for Plant Nutrition – DGP and the Research Centre Biotechnology & Plant Breeding University Hohenheim 'Plant Nutrition meets Plant Breeding', Hohenheim, 26.–28.09.2006.
- P214. WEIDNER, A., R.K. VARSHNEY, G.H. BUCK-SORLIN, N. STEIN, A. GRANER & A. BÖRNER: QTLs for salt tolerance: comparison of barley mapping populations. – 57. Tagung 'Pflanzenzüchtung und Genomanalyse', Raumberg-Gumpenstein/Austria, 21.–23.11.2006.
- P215. WEIGELT, K., I. SAALBACH & H. WEBER: Manipulation of seed metabolism in transgenic pea plants. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P216. WEISE, S., C. KLUKAS, D. KOSCHÜTZKI, B. JUNKER, F. SCHREIBER, I. GROSSE & U. SCHOLZ: Met-All: a system for managing metabolic pathway information. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P217. WEISE, S., I. MATTHIES, M.S. RÖDER & U. SCHOLZ: MetaBrew – managing and analysing data about barley malting and brewing quality. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P218. WEIBLEDER, A.: Mechanisms of DNA double-strand breaks (DSB) repair in *Arabidopsis thaliana* and *Crepis capillaris*. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P219. WEIBLEDER, A., M.F. METTE & I. SCHUBERT: Mechanisms of DNA double-strand break (DSB) repair in *Arabidopsis thaliana* and *Crepis capillaris*. – Plant Genetics Conference, Kiel, 20.–23.09.2006. Abstr. in: Plant Genetics: joined conference of the German Genetics Society and German Plant Breeding Society, Kiel. ERT-PO-11, p. 65.
- P220. WICKER, T., E. SCHLAGENHAUF, A. GRANER, T.J. CLOSE, B. KELLER & N. STEIN: The potential of pyrosequencing for genomic sequencing in the complex genome of barley. – Plant Genomics European Meetings '5th Plant GEMs Venice 2006', Venice/Italy, 11.–14.10.2006.
- P221. WITZEL, K., A. MATROS & H.-P. MOCK: Proteome analysis of a barley mapping population. – 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P222. WITZEL, K., A. WEIDNER, A. MATROS & H.-P. MOCK: Seed proteome analysis of accessions from the Oregon Wolfe Barley mapping population differing in their salt tolerance. – 39. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Massenspektrometrie (DGMS), Mainz, 05.–08.03.2006.
- P223. WOBUS, U., H.-P. MOCK, C. PIETSCH, V. RADCHUK, M. RÖDER, U. SCHOLZ, F. SCHREIBER, U. SEIFFERT, N. SREENIVASULU, M. STRICKERT, K. WITZEL & W. WESCHKE: Barley as a model and a crop: gene expression networks determining seed traits (GABI-SEED II). 6th GABI Statusseminar, Potsdam, 21.–22.02.2006.
- P224. ZAYNALI NEZHAD, K., U. LOHWASSER, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Toward molecular mapping of QTLs determining post anthesis drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.). – 'Pflanzenzüchtung für bessere Lebens- und Futtermittel' 8. GPZ-Vortragstagung, Freising-Weihenstephan, 14.–16.03.2006. Abstr. in: Vortr. Pflanzenzücht. 68 (2006) Poster 18.
- P225. ZIEGERT, K., K.-H. LEIDT, E.R.J. KELLER, H. SCHULZ & L. MÖRL: Development of new products based on *Allium* extracts. – 12th International Conference for Renewable Resources and Plant Biotechnology: NAROSSA, Magdeburg, 12.–13.06.2006.
- P226. ZIEROLD, A., U. HÄHNEL, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Development of a barley tissue panel – a fast expression profile for individual genes. – 2nd ISC IPK student conference Gatersleben, 30.05.–01.06.2006.
- P227. ZIEROLD, A., U. HÄHNEL, H. BÄUMLEIN & L. ALTSCHMIED: Development of a tissue panel for barley. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.
- P228. ZIEROLD, U., A. HIMMELBACH, J. RIECHEN, G. HENSEL, P. SCHWEIZER & J. KUMLEHN: A versatile set of generic vectors for *Agrobacterium*-based transformation of monocotyledonous plants. – Institutstag IPK, Gatersleben, 10.10.2006.

Tagungen und Veranstaltungen im Institut/ Meetings and Conferences at the IPK

ARABIDO-SEED-Meeting

19.–20. Februar 2006, Gatersleben

20 Teilnehmer

Tag der offenen Tür in der Genbank-Außenstelle „Nord“

13. Mai 2006, Malchow

150 Teilnehmer

2nd IPK Student Conference

29. Mai–1. Juni 2006, Gatersleben

80 Teilnehmer



Fig. 45: Rundgang mit interessierten Gästen im neuen Gewächshaus am Standort Malchow (Foto: G. Richter).



Fig. 46: Jährlich kommen zahlreiche Besucher anlässlich des Tages der offenen Tür nach Gatersleben (Foto: B. Schäfer).



Fig. 47: Unter Anleitung von Dr. Inge Matthies und Susanne Kirsten isolieren einige Besucher des Tages der offenen Tür Erbsubstanz aus Pflanzen (Foto: B. Schäfer).



Fig. 48: Der Geschäftsführende Direktor des IPK, Prof. Ulrich Wobus, eröffnet gemeinsam mit der Bürgermeisterin der Gemeinde Gatersleben, Dr. Edith Hüttner, das 3. Fest der Begegnung (Foto: B. Schäfer).



Fig. 49: Anlässlich des Festes der Begegnung gab es viele Beschäftigungsmöglichkeiten für Kinder (Foto: B. Schäfer).

Tag der offenen Tür und 3. Fest der Begegnung

17. Juni 2006, Gatersleben

ca. 2000 Teilnehmer

1st International GABI-TILL Workshop

“TILLING current status and impact on plant breeding”

19. Juni 2006, Gatersleben

ca. 100 Teilnehmer

Workshop zur Vorbereitung eines Projektes im Rahmen der BMBF-Ausschreibung “GABI FUTURE”

6. Juli 2006, Gatersleben

10 Teilnehmer



Fig. 50: „Begegnungen“ von Olaf Wegewitz (Foto: H. Ernst).



Fig. 51: Prof. Ingo Schubert (l.) im Gespräch mit Prof. Gerald und Frau Hella Wolf (Foto: H. Ernst).



Fig. 52: Prof. Anna M. Wobus eröffnet die Schriftstellerlesung am 11. August mit Peter Gosse (M.) und Manfred Jendryschik (Foto: H. Ernst).

**Treffen der ITG Fachgruppe 8.4.9
Mikroelektronik neuronaler Netze**
6.–7. Juli 2006, Gatersleben
15 Teilnehmer

**Gaterslebener Gespräch „Wissenschaft im Dialog“
zum Thema „Risikokommunikation – Wahrnehmung
und Bewältigung von Risiken“**
10.–11. August 2006, Gatersleben
ca. 100 Teilnehmer

Institutstag 2006
Vortragsveranstaltung, Posterpräsentation aller Arbeitsgruppen
10. Oktober 2006, Gatersleben
ca. 190 Teilnehmer

Mini-Symposium Plant Molecular Genetics
12. Oktober 2006, Gatersleben
ca. 200 Teilnehmer

PGRC Meeting 2006
22. November 2006, Gatersleben
30 Teilnehmer

Kick-off Meeting GABI-Canada Projekt
5.–6. Dezember 2006, Gatersleben
23 Teilnehmer

PlantResource Meeting
12. Dezember 2006, Gatersleben
20 Teilnehmer

**Abschlusskolloquium für das vom BMBF/BMELV geförderte
Projekt „Genbankfusion“ zum Thema „Zwischen Tradition
und Fortschritt - die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am IPK
Gatersleben“**
14.–15. Dezember 2006, Gatersleben
90 Teilnehmer

Beteiligung an der Organisation externer Veranstaltungen/ Participation in Organising External Meetings

| Thema | Zeitpunkt der Veranstaltung Ort Land | Veranstalter/Mitorgani- satoren (beteiligte Einrichtungen) | Art der Veranstaltung | Anzahl Teilneh- mer |
|--|---|---|---|---------------------------|
| ABTEILUNG GENBANK | | | | |
| Workshop "Inventorying of European cultivated plant species" | 12.–14.01.2006, Warsaw, Poland | IHAR Radzików, in Zusammenarbeit mit Dr. Helmut Knüppfer | international | 36 |
| ECPGR <i>ad hoc</i> Triticale and Rye Meeting | 28.09.2006, Nyon, Switzerland | ECPGR Dr. Helmut Knüppfer Coordinator des ECPGR Cereals Network | international | 9 |
| ETNA – European Training and Networking Activity: Summer School Plant Genomics and Bioinformatics: Special Focus: Metabolite Profiling and Data Analyses | 20.–29.09.2006, Potsdam | Prof. Ivo Große, Dr. Uwe Scholz - Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Potsdam-Golm; - University of Potsdam; - Leibniz Institute for Plant Biochemistry, Halle/S.; - Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben; - Max Planck Institute for Chemical Ecology, Jena; - Max Planck Institute of Plant Breeding Research, Cologne | Summerschool mit Kursen und Vorlesungen zum Metaboliten Profiling und zur Datenanalyse; international | 30 |
| ABTEILUNG CYTOGENETIK UND GENOMANALYSE | | | | |
| Joined Conference of the German Genetics Society and the German Society for Plant Breeding | 20.–23.09.2006, Kiel | Scientific Committee Prof. Dr. Ingo Schubert | international | 238 |
| International Plant & Animal Genome XIV Conference – Apomixis Workshop | 14.–18.01.2006, San Diego, USA | Workshop organiser Dr. Tim Sharbel | international | 200 |
| 14 th European Symposium on Artificial Neural Networks (ESANN) | 25.–28.04.2006, Brügge, Belgium | Scientific Committee Dr. Udo Seiffert | international | 120 |
| 3 rd International Meeting on Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics | 29.–31.08.2006, Genova, Italy | Scientific Committee Dr. Udo Seiffert | international | 60 |
| 10 th International Conference on Knowledge-Based Intelligent Information & Engineering Systems (KES) | 09.–11.10.2006, Bournemouth, UK | Scientific Committee Dr. Udo Seiffert | international | 250 |

| Thema | Zeitpunkt der Veranstaltung Ort Land | Veranstalter/Mitorganisatoren (beteiligte Einrichtungen) | Art der Veranstaltung | Anzahl Teilnehmer |
|--|---|--|--------------------------|----------------------|
| ABTEILUNG CYTOGENETIK UND GENOMANALYSE | | | | |
| International Conference "Embryonic and Somatic Stem Cells – Regenerative Systems for Cell and Tissue Repair" 2 nd Biennial Leopoldina Conference and Final Meeting of the DFG Priority Program 1109 | 24.–27.09.2006, Dresden | Organiser Prof. Dr. Anna M. Wobus Volker ter Meulen (Leopoldina) | international | 430 |
| International Workshop Integrative Bioinformatics 3 rd annual meeting | 04.–06.09.2006, Rothamsted, UK | Organising Committee Dr. Uwe Scholz | international | 132 |
| ABTEILUNG MOLEKULARE ZELLBIOLOGIE | | | | |
| International Conference on Proteomics "Bridging the Gap Between Gene Expression and Biological Function" | 11.–14.10.2006, Luxembourg | Scientific Committee Priv.-Doz. Dr. Hans-Peter Mock | international | 200 |

Ehrungen, Preise/ Honours, Awards

Der Verein Deutscher Ingenieure (VDI), Magdeburger Bezirksverein, hat die von **Dr. Alexander Ihlow** vorgelegte Arbeit „Ein Hochdurchsatz-Screeningsystem zur Objekterkennung in Mikroskop-Farbbildern im Rahmen der Analyse pflanzlicher Pathogenresistenz“ als herausragende Dissertation mit dem **Förderpreis 2006** ausgezeichnet. Dr. Ihlow hat ein neuartiges Hochdurchsatz-Screeningsystem entwickelt.

Anlässlich des 46th ETCS International Meeting/3rd International Joint Meeting "In vitro Cytotoxicity Mechanisms" (29. März 2006), Verona, Italien, erhielt **Frau Dr. Alexandra Rolletschek** einen Preis für die **Präsentation** "Analysis of pancreatic differentiation by transcriptinal profiling of differentiating mouse embryonic stem cells in vitro".

Auf der 3. EPSO Conference in Visegrad, Ungarn (28. Mai–1. Juni 2006) wurde das Poster zum Thema "The pivotal role of the *Jekyll* gene maternal-filial interactions during barley grain development" von **V. Radchuk, L. Borisjuk, R. Radchuk, H. Steinbiss, H. Rolletschek** und **U. Wobus** mit dem **Posterpreis** ausgezeichnet.

Anlässlich der "International Conference on Proteomics: Bridging the Gap between Gene Expression and Biological Function", die vom 11.–14. Oktober 2006 in Luxembourg stattfand, wurde das Poster zum Thema "Stress response networks in tobacco trichomers" von **St. Amme, C. Hedtmann, A. Matros** und **H.-P. Mock** mit einem **Posterpreis** ausgezeichnet.

Arbeitsaufenthalte von Gästen im IPK/Guest Researchers at the IPK

(ab einer Woche, ohne InWEnt-Stipendiaten, Schüler, Praktikanten, Studenten)

Abteilung Genbank

Claudia Wiedow, 01.06.2005 bis 30.04.2006, Eigenfinanzierung (Prof. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Dr. Dragan Perovic, Bundesanstalt für Züchtungsforschung Aschersleben, Aschersleben, 05.09.2005 bis 05.03.2006 und 19.06.2006 bis 31.12.2006, Finanzierung durch BAZ Aschersleben (Prof. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Grit Haseneyer, Universität Hohenheim, Hohenheim, 01.08.2004 bis 31.07.2006, Finanzierung durch BMBF (Dr. S. Stracke/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Vu Thi Ha Giang, Universität Hanoi, Vietnam, 05.06.2004 bis 31.05.2007, Finanzierung durch ein Stipendium Vietnams (Prof. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Dr. Takao Komatsuda, National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS), Tsukuba, Japan, 12.06.2006 bis 30.06.2006, Finanzierung über NIAS (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Dr. Udda Lundqvist, Lund University, Lund, Schweden, 12.06.2006 bis 23.06.2006, Finanzierung durch IPK (Dr. S. Gottwald/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Prof. Dr. Harinda Singh Balyan, Ch. Charan Singh University, Meerut, Indien, 27.03.2006 bis 26.06.2006, Finanzierung durch ein DFG-Stipendium (Prof. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Fruzsina Szira, Hungarian Academy of Sciences, Budapest, Ungarn, 17.11.2006 bis 22.12.2006, Finanzierung durch DAAD (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Nayyer Iqbal, Nuclear Institute for Agriculture and Biology (NIAB), Faisalabad, Pakistan, 01.09.2005 bis 30.06.2006, Finanzierung durch ein Georg-Forster-Forschungsstipendium der Humboldt-Stiftung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Khalil Zaynali Nezhad, Plant Breeding and Agronomy Department, College of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran, 27.08.2004 bis 26.08.2008, Finanzierung durch Iranische Regierung (PD Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Dr. Michael Schlönvoigt, InWEnt gGmbH Zschortau, 13.03.2006 bis 15.09.2006, Finanzierung durch InWEnt (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Dr. Annette Weidner, 01.02.2006 bis 31.03.2006, Eigenfinanzierung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

András Balint, Agriculture Research Institute of Hungarian Academy of Sciences, Martonvásár, Ungarn, 17.09.2006 bis 16.12.2006, Finanzierung durch DAAD (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Dr. Isaac O. Daniel, University of Agriculture, Department of Plant Breeding and Seed Technology, Abeokuta, Nigeria, 16.12.2006 bis 31.12.2007, Finanzierung durch ein Stipendium der Humboldt-Stiftung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Dr. Natalia Tikhenko Dmitrievna, St. Petersburg State University, Biological Research Institute, St. Petersburg, Russland, 09.02.2006 bis 08.07.2006, Finanzierung durch DFG (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion; Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

Nataliya Shvachko, Vavilov-Institute (VIR), St. Petersburg, Russland, 11.05.2006 bis 07.08.2006, Finanzierung durch DFG (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

Yulia Lupysheva, Vavilov-Institute (VIR), St. Petersburg, Russland, 01.08.2006 bis 29.10.2006, Finanzierung durch DFG (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung).

Kathleen Prinz, Universität Kassel, Kassel, 15.05.2006 bis 19.05.2006, Finanzierung durch die Universität Kassel (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

Daniela Guicking, Universität Kassel, Kassel, 15.05.2006 bis 19.05.2006, Finanzierung durch die DFG (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

Enoch Achigan-Dako, International Plant Genetic Resources Institute, Cotonou, Benin, 01.04.2005 bis 01.04.2008, Finanzierung durch DAAD (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

Prof. Konrad Bachmann, 24.05.2006 bis 31.05.2007, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

Maia Gurushidze, Georgian Academy of Sciences, Institute of Botany, Tbilisi, Georgien, 01.05.2006 bis 31.10.2007, Finanzierung durch die VW-Stiftung (Dr. R. Fritsch/Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzengenetischer Ressourcen).

Dr. Anna Filatenko, Vavilov-Institute (VIR), St. Petersburg, Russland, 27.02.2006 bis 30.04.2006 und 03.12.2006 bis 22.12.2006, Finanzierung durch die Universität Kassel (Dr. R. Fritsch/Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzengenetischer Ressourcen).

Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

Dr. Richard Pickering, Institute for Crop Research, Christchurch, Neuseeland, 31.05.2006 bis 24.07.2006, Finanzierung durch das IPK (Prof. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution).

Dr. Hoda Badry Mohammed Ali, Universität Kairo, Kairo, Ägypten, 04.11.2006 bis 27.04.2007, Finanzierung durch das IPK (Prof. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution).

Prof. Takashi R. Endo, University Kyoto, Kyoto, Japan, 26.07.2006 bis 08.08.2006, Finanzierung durch IPK (Prof. I. Schubert/Arbeitsgruppe Karyotypevolution).

Dr. Taiji Nomura, University Kyoto, Kyoto, Japan, 01.10.2006 bis 29.10.2006, Finanzierung durch die Universität Kyoto (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).

Dr. Kiyo Nagaki, University of Okajama, Okajama, Japan, 12.05.2006 bis 09.06.2006, Finanzierung durch das IPK (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).

Dr. Shuhei Nasuda, University Kyoto, Kyoto, Japan, 11.06.–22.06.2006, Finanzierung durch die Universität Kyoto (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).

Dr. Ana Caperta, Universidad Lusófona de Humanidades e Tecnologias, Lissabon, Portugal, 23.03.2006 bis 06.04.2006, Finanzierung durch Universität Lissabon (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).

Sylvia Marschner, 01.08.2006 bis 31.07.2007, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).

Agnieszka Braszewska-Zalewska, University of Silesia, Department of Plant Anatomy and Cytology, Katowice, Polen, 12.02.2006 bis 03.03.2006, Finanzierung durch Universität Schlesien (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion).

Marta Puente Molins, Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo, Vigo, Spanien, 27.01.2006 bis 31.07.2006, Eigenfinanzierung (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Dr. Thomas Bringezu, InnoPlanta e.V., Gatersleben, 14.08.2006 bis 31.12.2006, Finanzierung durch InnoPlanta e.V. (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Dr. José Maria Corral Garcia, Universidad de Granada, Granada, Spanien, 24.04.2006 bis 24.04.2007, Finanzierung durch ein Leibniz-DAAD-Stipendium (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Mirna Bogic, Universität Zagreb, Zagreb, Kroatien, 01.08.2006 bis 31.10.2006, Finanzierung durch ein DAAD-IAESTE-Fachpraktikum (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Marcin Piwczynski, Nicolaus Copernicus University, Institute of Ecology and Environment Protection, Torun, Polen, 10.04.2006 bis 09.10.2006, Finanzierung durch ein DAAD-IAESTE-Fachpraktikum (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Bouchra Douaihy, Musee National d' Histoire Naturelle a Paris, Paris, Frankreich, 10.04.2006 bis 12.05.2006, Finanzierung durch das Nationalmuseum in Paris (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Lorenzo Raggi, University of Perugia, Agroenvironmental and Animal Biotechnology Department, Perugia, Italien, 20.10.2005 bis 31.05.2006, Finanzierung durch "Italian Science Foundation" (Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).

Dr. Zhibo Jin, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China, 19.07.2005 bis 14.07.2006, Finanzierung durch ein Leibniz-DAAD-Stipendium (Dr. M.F. Mette/Arbeitsgruppe Epigenetik).

Thuy Thu Truong, National Center for Natural Science and Technology (NCST), Institute of Biotechnology (IBT), Hanoi, Vietnam, 16.02.2004 bis 15.02.2007, Finanzierung durch ein Stipendium Vietnams (Prof. A.M. Wobus/Arbeitsgruppe *In vitro*-Differenzierung).

Paria Mohseni, University of Toronto, Samuel Lunenfeld Research Institute, Toronto, Kanada, 27.09.2006 bis 28.10.2006, Eigenfinanzierung (Prof. A.M. Wobus/Arbeitsgruppe *In vitro*-Differenzierung).

Gurbind Singh, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle, 18.04.2006 bis 28.04.2006, Finanzierung durch den DAAD (Prof. A.M. Wobus/Arbeitsgruppe *In vitro*-Differenzierung).

Dr. Gerhard Buck-Sorlin, Brandenburgische Technische Universität Cottbus, Cottbus, 01.08.2002 bis 14.12.2007, Finanzierung durch Technische Universität Cottbus (Dr. P. Schweizer/ Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse).

Grit Zimmermann, 01.08.2005 bis 31.12.2006, Eigenfinanzierung (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse).

Ernst Metzner, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 01.12.2005 bis 31.12.2007, Finanzierung durch Universität Halle über Graduiertenkolleg des Landes Sachsen-Anhalt (Dr. habil. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse und Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

Greg Fuerst, Iowa State University, Department of Plant Pathology, Ames, USA, 8.12.2006 bis 22.12.2006, Finanzierung durch das US Department of Agriculture – ARS (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse).

Jolly Basak, Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie (IPB), Halle, 11.12.2006 bis 22.12.2006, Finanzierung durch IPB Halle (Dr. habil. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse).

Dr. José Luis De Leon Alvarez, Universidad Autonoma de Baja California, Mexiko, 01.08.2006 bis 21.08.2006, CONACYT (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dr. Elena Khlestkina, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russland, 03.06.2006 bis 26.08.2006, Finanzierung durch INTAS-Stipendium (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dr. Irina Leonova, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russland, 24.11.2006 bis 24.12.2006, Finanzierung durch BMELV (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dr. Uttam Kumar, Banaras Hindu University, Department of Genetics and Plant Breeding, Varanasi, Indien, 06.06.2006 bis 05.06.2007, Finanzierung durch ein Leibniz-DAAD-Stipendium (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Samir Kerfal, Universidad Politecnica de Madrid, Department Biocologia, Madrid, Spanien, 01.08.2006 bis 31.10.2006, Finanzierung durch FPI-Fellowship (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Shu-Chin Hysing, Swedish University of Agricultural Sciences, Alnarp, Schweden, 20.03.2006 bis 26.05.2006, Finanzierung durch ein schwedisches Forschungsstipendium (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dr. Lanqin Xia, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Institute of Crop Sciences, Beijing, China, 17.08.2006 bis 06.10.2006, Finanzierung durch den DAAD (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dr. Elena Salina, Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russland, 24.11.2006 bis 10.12.2006, Finanzierung durch BMELV (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dawit Bedane Woubit, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA), Kleinmachnow, 18.12.2006 bis 22.12.2006, Finanzierung durch die BBA (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Daniela Marone, CRA – Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura, Foggia, Italien, 13.02.2006 bis 15.03.2006, Finanzierung durch EMBO-Fellowship (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Verena Ristau, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA), Teltow, 18.12.2006 bis 22.12.2006, Finanzierung durch die BBA (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Dr. Ludmilla Malysheva-Otto, 01.01.2006 bis 31.08.2006, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Mani Elangovan, National Chemical Laboratory, Pune, Indien, 01.09.2005 bis 28.02.2006, Finanzierung durch IAESTE-Stipendium (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).

Prof. Ming Chen, Zhejiang University, Bioinformatics, College of Life Sciences, Hangzhou, China, 01.07.2006 bis 31.07.2006, Finanzierung durch den DAAD (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik).

Abteilung Molekulare Genetik

Dr. Sabine Gubatz, 01.08.2003 bis 31.01.2007, Eigenfinanzierung (Prof. U. Wobus/Arbeitsgruppe Genwirkung).

Dagmar Zachova, Masaryk University, Brno, Tschechische Republik, 14.05.2006 bis 03.06.2006, Eigenfinanzierung (Prof. U. Wobus/Arbeitsgruppe Genwirkung).

Prof. Peter Chandler, CSIRO Plant Industry, Canberra, Australien, 11.09.2006 bis 17.09.2006, Finanzierung durch IPK (Prof. U. Wobus/Arbeitsgruppe Genwirkung).

Anna Sutova, State University of Moldova, Kishinev, Moldavien, 03.10.2005 bis 31.07.2006, Finanzierung durch den DAAD (Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

Dr. Sergey Miroshnyshenko, 01.11.2006 bis 01.02.2007, Eigenfinanzierung (Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

Diep Le Hong, Vietnamese Academy of Science and Technology, Institute of Biotechnology, Hanoi, Vietnam, 29.09.2006 bis 30.09.2007, Finanzierung durch ein DAAD-Stipendium (Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

Dávid Koszegi, Agricultural Research Institute of Hungarian Academy of Sciences, Martonvásár, Ungarn, 06.01.2005 bis 30.06.2007, Finanzierung durch das BMBF (Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

Prof. Andrei Shutov, State University of Moldova, Kishinev, Moldavien, 31.05.2006 bis 10.06.2006, Finanzierung durch das IPK (Dr. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).

Marziya Rakhimova, Almaty, Kasachstan, 01.07.2003 bis 30.04.2007, Finanzierung durch ein Leibniz-DAAD-Forschungsstipendium (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

Lai Than Nguyen, University of Science, Hanoi, Vietnam, 27.03.2003 bis 28.02.2006, Finanzierung durch ein Stipendium Vietnams (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

Linh Tran My, University of Science, Hanoi, Vietnam, 15.02.2004 bis 14.02.2007, Finanzierung durch ein Stipendium Vietnams (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

Phan Trong Hoang, University of Science, Hanoi, Vietnam, 08.05.2006 bis 30.09.2006, Finanzierung durch das IPK (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

Isabella Herrmann, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle, 02.01.2006 bis 31.12.2006, Finanzierung durch die Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).

Dr. Ali Masoudi-Nejad, University of Teheran, Teheran, Iran, 24.08.2006 bis 11.09.2006, Finanzierung durch BIC-GH (Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse).

Dr. Björn Junker, Brookhaven National Laboratory, Upton (NY), USA, 07.08.2006 bis 18.08.2006, Finanzierung durch BIC-GH (Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse).

Dr. Seok Hee Hong, University of Sydney, Sydney, Australien, 21.09.2006 bis 29.09.2006, Finanzierung durch BIC-GH (Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse).

Abteilung Molekulare Zellbiologie

Prof. Uwe Sonnewald, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, Erlangen, 15.12.2004 bis 30.06.2007, Finanzierung durch IPK (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Prof. Klaus Müntz, 01.01.2001 bis 31.03.2007, Eigenfinanzierung (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Dr. Sophia Biemelt, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, Erlangen, 15.12.2004 bis 31.08.2007, Finanzierung durch IPK (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Dr. Frederik Börnke, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, Erlangen, 15.12.2004 bis 31.03.2006, Finanzierung durch IPK (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Dr. Martin Peisker, 01.05.2003 bis 30.10.2006, Eigenfinanzierung (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Matias Zurbriggen, National University of Rosario, Rosario, Argentinien, 03.07.2006 bis 02.01.2007, Finanzierung durch ein DAAD-IAESTE-Fachpraktikum (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Kristin Rossner, Humboldt-Universität Berlin, Berlin, 18.04.2006 bis 28.04.2006 und 08.05.2006 bis 26.05.2006, Finanzierung durch die Humboldt-Universität Berlin (Dr. M.R. Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Dr. Katharina Pawlowski, Stockholm University, Department of Botany, Stockholm, Schweden, 08.05.2006 bis 19.05.2006, Finanzierung durch die Universität Stockholm (Dr. M.R. Hajirezaei/ Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie).

Ernst Metzner, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 01.12.2005 bis 31.12.2007, Finanzierung durch Universität Halle über Graduiertenkolleg des Landes Sachsen-Anhalt (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie und Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse).

Dr. Gunbileg Disan, Mongolian State University, Institute of Chemistry and Chemical Technology, Ulanbator, Mongolei, 01.07.2005 bis 30.06.2006, Finanzierung durch DAAD-Leibniz-Stipendium (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

Esra Capanoglu, Istanbul Technical University, Istanbul, Turkey, 10.12.2006 bis 04.05.2007, Finanzierung durch den DAAD (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

Dr. Birgit Neubohn, 03.07.2006 bis 14.07.2006, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

Rachna Agarwal, Molecular Biology Division, Bhaba Atomic Research Centre, Mumbai, Indien, 01.05.2006 bis 26.08.2006, Finanzierung durch das BMBF (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

Dr. Jayashree Krishna Sainis, Biology Division, Bhaba Atomic Research Centre, Mumbai, Indien, 01.12.2006 bis 31.12.2006, Finanzierung durch BMBF/DLR (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

Dr. Isabella Prokhorenko, Russian Academy of Science, Institute of Basic Biological Problems, Pushino, Russland, 22.04.2006 bis 19.07.2006, Finanzierung durch DFG (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

Chittela Rajani Kant, Molecular Biology Division, Bhaba Atomic Research Centre, Mumbai, Indien, 01.09.2006 bis 30.11.2006, Finanzierung durch BMBF (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).

Balcha Abera, Addis Abeba University, Addis Abeba, Äthiopien, 29.08.2005 bis 28.02.2006, Finanzierung durch DAAD (Dr. J. Kümlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

Nathalie Levy, University of Palermo, Palermo, Italien, 29.03.2006 bis 29.04.2006, Finanzierung durch DAAD "Progetto Vigoni"; 31.05.2006 bis 04.08.2006, Finanzierung durch die Universität Palermo (Dr. J. Kümlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

Omwoyo Ombori, Kenyatta University, Nairobi, Kenia, 25.09.2006 bis 24.01.2007, Finanzierung durch DAAD (Dr. J. Kümlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

Dmitry Tolokontsev, Russian Agricultural Academy, Kostroma, Russland, 15.09.2006 bis 15.12.2006, Finanzierung durch DAAD (Dr. J. Kümlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).

Katja Watzke, 01.09.2005 bis 31.12.2008, Finanzierung durch die Deutsche Bundesstiftung Umwelt – DBU (Prof. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

Peggy Knobloch, 01.06.2003 bis 31.05.2006, Finanzierung durch die Deutsche Bundesstiftung Umwelt – DBU (Prof. G. Kunze/ Arbeitsgruppe Hefegenetik).

Dr. Gamal El Metabteb, National Center for Radiation Research and Technology, Ägypten, 01.05.2006 bis 31.07.2006, Finanzierung durch BMBF (Prof. G. Kunze/ Arbeitsgruppe Hefegenetik).

Dr. Ayman El Fiki, National Center for Radiation Research and Technology, Kairo, Ägypten, 01.07.2006 bis 30.09.2006, Finanzierung durch BMBF (Prof. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

Dr. Keith Baronian, Christchurch Polytechnic Institute of Technology, Christchurch, Neuseeland, 05.07.2006 bis 02.08.2006, Finanzierung durch BMBF/DLR (Prof. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).

Arbeitsaufenthalte von Wissenschaftlern in anderen Einrichtungen/ Stays of IPK Researchers at Other Institutes

Abteilung Genbank

Dr. Reinhard Fritsch/Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzen-genetischer Ressourcen, Plant Pests and Diseases Research Institute, Tehran, Iran, 06.05.2006 bis 29.05.2006, Finanzierung durch die VW-Stiftung.

Dr. Reinhard Fritsch/Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzen-genetischer Ressourcen, Scientific-Productive Centre "Botanika" of the Uzbek Academy of Sciences, Tashkent, Usbekistan, 29.05.2006 bis 10.06.2006, Finanzierung durch die VW-Stiftung.

Dr. Reinhard Fritsch/Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzen-genetischer Ressourcen, Botanical Institute of the Tajik Academy of Sciences, Dushanbe, Tadschikistan, 20.06.2006 bis 04.07.2006, Finanzierung durch die VW-Stiftung.

Dr. Reinhard Fritsch/Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzen-genetischer Ressourcen, Niko Ketskhoveli Institute of Botany, Tbilisi, Georgien, 09.07.2006 bis 24.07.2006, Finanzierung durch die VW-Stiftung.

Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

Dr. Andreas Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion, Kyoto University, Kyoto, Japan, 19.09.2005 bis 05.01.2006, Finanzierung durch Kyoto University.

Mariana Carchilan/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion, Centro de Botânica Aplicada à Agricultura, Lisboa, Portugal, 01.11.2006 bis 22.11.2006, Finanzierung durch IPK und durch Instituto Superior de Agronomia.

Ali Mohammad Banaei Moghaddam/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion, Unité de Recherche en Génomique Végétale, Evry, Frankreich, 01.11.2006 bis 31.12.2006, Finanzierung durch IPK.

Liudmila Vlasenko/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur/-funktion, Freie Universität Berlin, Institut für Biologie, Berlin, 02.11.2006 bis 03.11.2006, Finanzierung durch DFG.

Dr. Udo Seiffert/Arbeitsgruppe Mustererkennung, I.N.S.A., Rennes, Frankreich, 26.06.2006 bis 30.06.2006, Finanzierung durch I.N.S.A. Rennes.

Abteilung Molekulare Zellbiologie

Dr. Michael Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, Molecular Biology and Agriculture Division, Bhabha Atomic Research Center, Mumbai, Indien, 16.12.2005 bis 22.01.2006, Finanzierung durch DLR/BMBF.

Dr. Kristina Tag/Arbeitsgruppe Hefegenetik, Christchurch Polytechnic Institute of Technology, Christchurch, Neuseeland, 12.02.2006 bis 20.02.2006, Finanzierung durch BMBF/DLR.

Prof. Gotthard Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik, University Delhi, Department Microbiology, Delhi, Indien, 06.02.2006 bis 16.02.2006, Finanzierung durch den DAAD.

Prof. Gotthard Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik, Christchurch Polytechnic Institute of Technology, Christchurch, Neuseeland, 03.11.2006 bis 10.11.2006, Finanzierung durch BMBF/DLR.

Lehrtätigkeit/Teaching

| Name der/des Lehrenden | Thema | Universität/ Hochschule | Fakultät/ Fachbereich | SWS |
|---|---|---|--|--------|
| Prof. Dr. A. Graner (GB) Dr. S. Stracke (GB) Dr. N. Stein (GB) | „Genetische Kartierung/Molekulare Diversität“ | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Landwirtschaftliche Fakultät | 2 |
| Dr. U. Lohwasser (GB) | Pflanzen-Bestimmungsübungen für Biologie-Diplom | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Naturwissenschaftliche Fakultät I | 2 |
| Dr. U. Lohwasser (GB) | Pflanzen-Bestimmungsübungen für Biologie-Lehramt | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Naturwissenschaftliche Fakultät I | 2 |
| Priv.-Doz. Dr. A. Börner (GB) Dr. J. Keller (GB) Dr. U. Lohwasser (GB) Dr. A. Weidner (GB) Dr. A. Senula (GB) | „Ertragsstrategien und Management pflanzengenetischer Ressourcen“ (Vorlesung und Praktikum) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Naturwissenschaftliche Fakultät III | 2 |
| Prof. Dr. I. Große (GB) | „Sequenz- und Expressions- datenanalyse I“ (Vorlesung und Übung) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Mathematisch-Naturwissenschaft- lich-Technische Fakultät, FB Mathematik und Informatik/ Aufbaustudiengang Bioinformatik | 5 |
| Prof. Dr. I. Große (GB) | „Algorithmen der Bioinformatik II“ (Vorlesung und Übung) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Mathematisch-Naturwissenschaft- lich-Technische Fakultät, FB Mathematik und Informatik/ Aufbaustudiengang Bioinformatik | 5 |
| Prof. Dr. I. Große (GB) | Molekulare Phylogenie (Vorlesung und Übung) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Mathematisch-Naturwissenschaft- lich-Technische Fakultät, FB Mathematik und Informatik/ Aufbaustudiengang Bioinformatik | 3 |
| Prof. Dr. I. Schubert (CYT) Dr. J. Fuchs (CYT) | „Klassische und molekulare Cytogenetik“ (Komplexpraktikum) | Universität Kassel | Fachbereich Genetik | 7 |
| Priv.-Doz. Dr. V. Schubert (CYT) Dr. G. Jovtchev (CYT) Dr. J. Fuchs (CYT) Dr. M. Melzer (MZB) B. Claus (MZB) | „Moderne Techniken der Mikrosko- pie und Cytogenetik“ (Praktikum) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Landwirtschaftliche Fakultät | 2 |
| Priv.-Doz. Dr. V. Schubert (CYT) | „Pflanzenzüchtung“ (Vorlesung) | Hochschule Anhalt Bernburg | FB Landwirtschaft | 1 |
| Dr. A. Houben (CYT) | „Biotechnologie in der Pflanzen- produktion“ (Vorlesung und Praktikum) | Hochschule Anhalt Bernburg | FB Landwirtschaft | 7 |
| Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt (CYT) | „Einblicke durch Genomprojekte: Was machen Pflanzen anders?“ (Vorlesung) | Universität Potsdam | Mathematisch-Naturwissenschaft- liche Fakultät | 2 |
| Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt (CYT) | Genetical Genomics (Seminar) | Universität Potsdam | Mathematisch-Naturwissenschaft- liche Fakultät | 2 2 |

| Name der/des Lehrenden | Thema | Universität/ Hochschule | Fakultät/ Fachbereich | SWS |
|--|--|--|--|-----------|
| Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt (CYT) | „Struktur-/Funktionsbeziehungen in Eukaryontengenomen“ (Seminar) | Universität Potsdam | Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät | 2 |
| Prof. Dr. A. M. Wobus (CYT) | MD/PhD Programm Molecular Medicine: „Stem Cells“ | Medizinische Hochschule Hannover | | 0,5 |
| Dr. U. Seiffert (CYT) | „Genetische Algorithmen“ (Vorlesung) | Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg | Fakultät für Elektrotechnik und Informationstechnik | 2 |
| Dr. U. Seiffert (CYT) | „Künstliche Neuronale Netze“ (Vorlesung) | Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg | Fakultät für Elektrotechnik und Informationstechnik | 5 |
| Dr. L. Altschmied (CYT) | Pflanzenphysiologisches Praktikum | Friedrich-Schiller-Universität Jena | Institut für Pflanzenphysiologie | 4 |
| Dr. U. Scholz (CYT) Dr. M. Lange (CYT) | „Einführung in die Bioinformatik“ (Vorlesung und Übung) | Hochschule Anhalt Köthen | FB Biotechnologie, Lebensmitteltechnologie, Verfahrens- und Umwelttechnik | 6 |
| Prof. Dr. U. Wobus (MOG) Dr. habil. H. Bäumlein (MOG) | „Ausgewählte Aspekte der pflanzlichen Molekular- und Entwicklungsbiologie“ (Vorlesung und Praktikum) | Friedrich-Schiller-Universität Jena und Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | Biologisch-Pharmazeutische Fakultät und Mathematisch-Naturwissenschaftlich-Technische Fakultät | 6,5 |
| Dr. habil. H. Bäumlein (MOG) | „Biotechnologie in der Pflanzenproduktion“ (Vorlesung) | Hochschule Anhalt Bernburg | FB Landwirtschaft | 7 |
| Dr. F. Schreiber (MOG) | Bioinformatik (Vorlesung und Übung) | Universität Dortmund | FB Chemie | 2 |
| Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock (MZB) | „Proteomanalyse von Pflanzen“ (Praktikum) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | FB Biologie | 4 |
| Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock (MZB) | „Pflanzenphysiologie“ (Grundpraktikum) | Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg | FB Biologie | 4 |
| Prof. Dr. G. Kunze (MZB) | „Molekulargenetik Teil I“ (Vorlesung) | Hochschule Anhalt Köthen | FB Biotechnologie, Lebensmitteltechnologie, Verfahrens- und Umwelttechnik | 3 |
| Prof. Dr. G. Kunze (MZB) | „Molekulargenetik Teil II“ (Vorlesung) | Hochschule Anhalt Köthen | FB Biotechnologie, Lebensmitteltechnologie, Verfahrens- und Umwelttechnik | 3 |
| Prof. Dr. G. Kunze (MZB) | „Molekulargenetik-Gentechnik“ (Vorlesung) | Hochschule Anhalt Köthen | FB Biotechnologie, Lebensmitteltechnologie, Verfahrens- und Umwelttechnik | 2 |
| Prof. Dr. G. Kunze (MZB) | „Biosensoren für die Umweltkontrolle“ (Vorlesung) | Hochschule Anhalt Köthen | FB Biotechnologie, Lebensmitteltechnologie, Verfahrens- und Umwelttechnik | 2 |
| Prof. Dr. G. Kunze (MZB) | „Hefegenetik“ (Praktikum) | Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald | Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät, FB Biologie | 4 |
| Semesterwochenstunden (SWS) insgesamt: | | | | 99 |

Mitarbeit an wissenschaftlichen Zeitschriften/ Editing Scientific Journals

Mitarbeiter des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung sind Herausgeber bzw. Mitherausgeber folgender Zeitschriften:

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).

Chromosoma, Springer, New York, USA (I. Schubert, Associate Editor).

Chromosome Research, Springer, Dordrecht, The Netherlands (A. Houben, Editorial Advisory Board).

Cytogenetics & Genome Research (CGR), Karger AG, Basel, Switzerland (I. Schubert, Editorial Board).

Electronic Wheat Information Service, Shizuoka, Japan (A. Houben, Editorial Advisory Board).

European Triticum Genomics Initiative (ETGI, <http://www.etgi.org>) (N. Stein, Co-coordinator).

Genetic Resources and Crop Evolution (GRACE) (Nachfolger der Zeitschrift "Kulturpflanze"), Springer, Dordrecht, The Netherlands (K. Pistrick, Managing Editorial Board, F.R. Blattner, Editorial Board).

Genetics and Breeding, Bulgarian Academy of Sciences for the Bulgarian Genetical Society, Sofia, Bulgaria (I. Schubert, Editorial Board).

International Journal of Knowledge-based Intelligent Engineering Systems, KES International, Brighton, UK (U. Seiffert, Editorial Advisory Board).

Journal of Plant Physiology, Elsevier, Amsterdam, The Netherlands (J. Kumléhn, Editorial Board).

Journal of Stem Cells, Nova Science Publishers, Inc., New York, USA (Anna M. Wobus, Editorial Advisory Board).

Journal of Tissue Engineering and Regenerative Medicine, John Wiley & Sons, Ltd., UK (Anna M. Wobus, Editorial Board).

Molecular Breeding, Springer, Dordrecht, The Netherlands (A. Graner, Editorial Board).

Plant Biotechnology Journal, Blackwell Publishing, Bristol, UK (R. Schmidt, Advisory Board).

Plant Cell Reports, Springer, Berlin-Heidelberg (R. Schmidt, Editorial Board).

Plant Molecular Biology, Springer, Dordrecht, The Netherlands (R. Schmidt, Editorial Board).

Plant Systematics and Evolution, Springer, Berlin-Heidelberg (F.R. Blattner, Editorial Board).

Stem Cells, AlphaMed Press, Durham, USA (Anna M. Wobus, Editorial Board).

The International Journal of Developmental Biology, The University of the Basque Country Press, Bilbao, Spain (Anna M. Wobus, Editorial Advisory Board).

The Plant Journal, Blackwell Publishing, Oxford, UK (U. Wobus, Advisory Board).

Theoretical and Applied Genetics, Springer, Berlin-Heidelberg (A. Graner, Editorial Board).

Tätigkeit in Gremien/ Activities in Boards

Geschäftsführender Direktor

Prof. Dr. U. Wobus

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher LEOPOLDINA;
- Ordentliches Mitglied der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW);
- Korrespondierendes Mitglied der Nordrhein-Westfälischen Akademie der Wissenschaften;
- Mitglied im Ausschuss „Landwirtschaftliche Biotechnologie“ des DECHEMA-Fachausschusses Biotechnologie;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ), Quedlinburg;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung (GFP), Bonn;
- Mitglied des Fachbeirates des Max-Planck-Instituts für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie (IPB), Halle/S.;
- Mitglied des Vorauswahlkomitees der Karl Heinz Beckurts-Stiftung;
- Stellv. Vorsitzender der InnoPlanta e.V. Pflanzenbiotechnologie Nordharz/Börde;
- IPK-Repräsentant in der European Plant Science Organization (EPSO);
- Mitglied der WGL-Jury Wissenschaftspreis des Stifterverbandes „Gesellschaft braucht Wissenschaft“;
- Mitglied des Kuratoriums der Sparkassenstiftung Aschersleben-Staßfurt;
- Vorsitzender des Fördervereins des Schülerlabors „Grünes Labor Gatersleben“.

Abteilung Genbank

Prof. Dr. A. Graner

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher LEOPOLDINA;
- Mitglied des Aufsichtsrates der Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH (DSMZ);
- Mitglied des Vorstandsrates der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V. (GPZ);
- Mitglied des Scientific Coordination Committee (SCC) des BMBF-Forschungsverbundes „Genomanalyse am Biologischen System Pflanze (GABI)“;
- Mitglied des Beirates für nachwachsende Rohstoffe, Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt;
- Stellvertretender Vorsitzender des Scientific Advisory Boards des Max-Planck-Instituts für Züchtungsforschung, Köln;
- Mitglied des „Beratungs- und Koordinierungsausschusses des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen“, BMVEL, Bonn;
- Mitglied des wissenschaftlichen Beirates Otto Warburg Center for Agricultural Biotechnology, Hebrew University, Jerusalem;
- SCRI Honorary Fellow;

- Steering Committee, International Barley Sequencing Consortium (Vorsitzender);
- Stellvertretender Vorsitzender der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V.

Dr. N. Stein

- International Barley Genome Sequencing Consortium (IBSC) (stellv. Vorsitzender);
- European Triticeae Genomics Initiative (ETGI) (co-coordinator).

Priv.-Doz. Dr. A. Börner

- Koordinator der European Wheat Aneuploid Co-operative;
- Vorstandsmitglied und Schriftführer der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V.;
- Mitglied des Scientific Committee des EUCARPIA Genetic Resources Meetings 2007, Piestany, Slowakei.

Dr. J. Keller

- Mitglied der Koordinierungsgruppe des ECPGR Vegetables Network und Vice-Chairman der *Allium*-Arbeitsgruppe;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates des Fachverbandes Deutsche Speisezwiebel e.V. (bis 30. Mai 2006);
- Vorstandsmitglied der Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie e.V.;
- Vorstandsmitglied in der Internationalen Gesellschaft für Tieftemperaturbiologie (Society of Low Temperature Biology);
- Mitglied im Lenkungsausschuss der europäischen COST Initiative 871 „Kryokonservierung in Europa“;
- Mitglied der International Society of Horticultural Sciences (ISHS)
- Mitglied der European Association of Potato Research (EAPR)
- Mitglied der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V.;
- Mitglied der Arbeitsgruppe zum Europäischen Kooperationsprogramm pflanzengenetischer Ressourcen (ECPGR) des Beratungs- und Koordinierungsausschusses für pflanzengenetische Ressourcen (BeKo) von Bund und Ländern (unter Leitung des BMEKLV).

A. Kaczmarczyk

- Mitglied der Society of Low Temperature Biology SLTB.

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 BMEKLV);

- Mitglied des International Barley Core Collection Committee (IPGRI);
- Mitglied der International Working Group on Taxonomic Databases (TDWG);
- Mitglied der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung in Gatersleben e.V. (Kassenprüfer).

Dr. K.J. Dehmer

- Mitglied in der ECP/GR Working Group on Potato.

E. Willner

- Mitglied (Vice chairperson) in der ECP/GR Working Group on Forages.

Dr. K. Pistrick

- Mitglied im Nomenclature Committee of the International Seed Testing Association (ISTA).

Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse

Prof. Dr. I. Schubert

- Mitglied im Advisory Board of the Centre of Excellence in Plant Agrobiology and Molecular Genetics (PAGEN).

Dr. U. Seiffert

- Mitglied der Fachgruppe 8.4.9 – Mikroelektronik neuronaler Netze im Rahmen der Informationstechnischen Gesellschaft (ITG) des VDE.

Dr. habil. P. Schweizer

- Koordinator des BarleyGenomeNet.

Prof. Dr. A. M. Wobus

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher LEOPOLDINA;
- Ordentliches Mitglied der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW);
- Mitglied der Zentralen Ethik-Kommission für Stammzellforschung (ZES) am Robert-Koch-Institut, Berlin;
- Council Member of the European Tissue Culture Society (ETCS);
- Koordinatorin des Schwerpunktprogramms 1109 der DFG „Embryonale und gewebespezifische Stammzellen – Regenerative Zellsysteme für einen Zell- und Gewebeersatz“;
- Mitglied des Novartis Ethics Advisory Board von NOVARTIS Pharma International, Basel, Schweiz;
- Mitglied des wissenschaftlichen Beirates der CDU/CSU-Fraktion des Deutschen Bundestages;
- Mitglied der Arbeitsgruppe „Stammzellforschung“ der DFG;
- Mitglied der Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften.

Abteilung Molekulare Genetik

Dr. F. Schreiber

- Mitglied in der Fachgruppe 4.0.2 - Informatik in den Biowissenschaften im Rahmen der Gesellschaft für Informatik (GI).

Öffentlichkeitsarbeit/ Public Relations

Informationsveranstaltungen und Führungen/ Informative Events and Guided Tours

10. Januar–27. Juni 2006

Wöchentliche Treffen von Schülern der 5. und 6. Klasse im Rahmen der Gesamtschule Kirchdorf zum Thema „Bunte Pflanzenwelt“ (je 11 Schüler, insgesamt 18 Nachmittage; V. Miehe).

27. Januar 2006

Einführung von Solvig Rossak (Schülerin des Ernst-Barlach-Gymnasiums Rostock) in die Arbeit der Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, 2 Personen (Dr. K.J. Dehmer).

1. März 2006

Besuch von Schülern und Lehrern des Kyffhäuser-Gymnasiums in Bad Frankenhausen, 6 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genetik, der Gewächshäuser, des Genomzentrums und der Genbank, Informationen über den Einsatz der Gentechnik in der Pflanzenzüchtung (Dr. J. Saalbach, W. Mühlenberg).

3. März 2006

Besuch von Studenten der Universität Kassel, Fachbereich Genetik, Kassel, 9 Personen, Führung durch die Einrichtung und Erläuterung der Arbeit der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

16. März 2006

Führung der SPD-Parlamentarier Christoph Matschie, Bernward Rothe und Dr. Manfred Püchel, Informationen über die neuesten Forschungsergebnisse und die Entwicklung der Infrastruktur des Instituts, Diskussion forschungspolitischer Fragen, Besichtigung der Genbank, des Genomzentrums sowie des Biotech-Gründerzentrums (Prof. U. Wobus, Dr. F. Blattner, Dr. K. Pistrick, Dr. N. Stein, B. Eise).

21. März 2006

Besuch von Studenten der Universitäten Jena und Halle, 12 Personen, Führung durch die Einrichtung und Erläuterung der Arbeit der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

24. März 2006

Besuch von Studenten der Hochschule Bremen, 17 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank, des Samenkühllagers, der Botanischen Vergleichssammlungen, Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Gewächshausbesichtigung, Information über die Biotechnologie-Firmen am Campus sowie über Einsatzmöglichkeiten für Diplomanden bzw. Absolventen (Prof. A. Graner, Dr. K. Pistrick, Dr. J. Keller, J. Marlow, W. Mühlenberg).

27. März 2006

Besuch von Mitarbeitern des gärtnerischen Bereichs aus dem Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie Halle, 4 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung des Genomzentrums, Information über den entstehenden Biopark, Besuch der Genbank, Gewächshausführung (W. Mühlenberg, K. Menzel).

28. März 2006

Besuch von Schülern der Grundschule Gatersleben, Arbeitsgemeinschaft Schulgarten, 8 Personen, Vorstellung der Gewächshäuser und des Tropenhauses (J. Marlow).

29. März 2006

Besuch von Dr. Hollemann mit kubanischem Gast, 2 Personen, Vorstellung der Aufgaben Genbank, Besichtigung des Herbariums und der Samensammlung und Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung (Prof. A. Graner, Dr. K. Pistrick, Dr. A. Senula, Dr. H. Knüpffer, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

1. April 2006

„Kartoffelvielfalt erleben“ im Rauchhaus Möllin: Vorstellung und Verkostung historischer Sorten sowie Erläuterung der Arbeit der Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, 20 Personen (V. Miehe).

7. April 2006

Durchführung eines Projekttag für die 1. Klasse der Grundschule Kirchdorf: Basteln mit Naturmaterial (Gräser), 14 Schüler (V. Miehe).

18. April 2006

Besuch des Rotary-Club aus Aschersleben und Quedlinburg, 25 Personen, Begrüßung und Vorstellung der Aufgaben des Instituts und Besichtigung des Genomzentrums (Prof. A. Graner).

18. April 2006

Besuch von Mitgliedern des Rotary-Klubs aus Wernigerode, 40 Personen, Begrüßung und Vorstellung der Aufgaben des Instituts, Besichtigung der Genbank (Prof. A. Graner).

18. April 2006

Führung durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung der Aufgaben der Genbank, Malchow, 3 Personen (E. Willner).

19. April 2006

Führung durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung der Aufgaben der Genbank, 1 Person (V. Miehe, E. Willner).

20. April 2006

Besuch von Teilnehmern der „Internationalen Tagung für Pflanzenbau“ der Hochschule Anhalt, Standort Bernburg, 16 Personen, Erläuterung der Aufgaben der Kulturpflanzenbank sowie Besichtigung der Samensammlung und des Samenkühllagers (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick).

21. April 2006

Besuch des Beauftragten für die Angelegenheiten der NBL im BMELV, Vorstellung des Instituts, des Biotech-Standortes Gatersleben sowie des Projekts InnoPlanta, Besuch der SunGene GmbH und der Genbank (Prof. U. Wobus).

26. April 2006

Führung von Dr. U.K. Posselt, Landessaatzuchtanstalt der Universität Hohenheim, durch die Genbank-Außenstelle „Nord“ und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (E. Willner).

2. Mai 2006

Besuch von Stipendiaten des Deutschen Bundestages, 27 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und der Ähren- und Samensammlung, Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Besichtigung des Genomzentrums, Information über den entstehenden Biopark (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, W. Mühlenberg).

10. Mai 2006

Führung durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung der Aufgaben der Genbank, 2 Personen (V. Miehe, E. Willner).

12. Mai 2006

Besuch von Gästen des Landkreises Aschersleben-Staßfurt, 30 Personen, Information über die Aufgaben der Genbank, Führung durch das Samenkühllager (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

17. Mai 2006

Führung durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung der Aufgaben der Genbank, 2 Personen (E. Willner).

18. Mai 2006

Führung einer Gruppe im Rahmen der Weiterbildung zu Reiseleitern, 15 Personen, Vorstellung des Forschungs- und Züchtungsstandortes Malchow (IPK-Genbank, ASN; HS Wismar, NPZ Saatzeit Lembke Malchow) (V. Miehe).

18. Mai 2006

Besuch von Schülern der Fachschule für Gartenbau Quedlinburg, 21 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und des Reproduktionsanbaus der Kulturpflanzenbank im Gewächshaus und Freiland (W. Mühlenberg, J. Marlow).

19. Mai 2006

Besuch von Mitarbeitern der Firma Lochow-Petkus GmbH, 20 Personen, Information über die Aufgaben der Genbank mit anschließender Besichtigung des Samenkühllagers, des Herbariums sowie der Samen- und Ährensammlung, Gewächshausführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, J. Marlow).

26. Mai 2006

Führung durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung des Schaugartens der Hochschule Wismar im Rahmen eines Studientreffens, 15 Personen (V. Miehe).

29. Mai 2006

Führung durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung des Schaugartens der Hochschule Wismar im Rahmen eines Schülertreffens, 12 Personen (V. Miehe).

30. Mai 2006

Vortrag „Kopfkohl – Gemüse des Jahres 2006“ im Freilichtmuseum Schwerin-Mueß für die Gartenfreunde e.V., 15 Personen (V. Miehe).

30./31. Mai 2006

Führung von Dr. C. Kik und N. Bas, CGN Wageningen, durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung des Genbank-Managements in der Teilsammlung Futterpflanzen, Diskussion über die künftige Zusammenarbeit, 2 Personen (E. Willner).

1. Juni 2006

Besuch von Dr. V. Gramlich, Staatssekretär für Wissenschaft und Kultur im Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt und Begleitung, 2 Personen, Vorstellung der Forschungsschwerpunkte und Infrastruktur des Instituts, Diskussion aktueller Fragen, Besichtigung des Genomzentrums, Information über den entstehenden Biopark sowie Besuch der Genbank (Prof. U. Wobus, B. Eise, Dr. habil. P. Schweizer, Prof. A. Graner).

2. Juni 2006

Besuch von Teilnehmern des „Rotary-Clubs aus Lübbecke und Quedlinburg“, 60 Personen, Vorstellung des Instituts, Besuch der Genbank und des Genomzentrums (Prof. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

8. Juni 2006

Führung von Dr. Flechter (Crop and Food Research, Neuseeland) und Dr. J. Schubert (BAZ, Institut für Resistenzforschung und Pathogen-diagnostik, Aschersleben) durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (Dr. K.J. Dehmer).

9. Juni 2006

Besuch von Mitgliedern des Arbeitskreises „Gentechnik“ des BUND, 10 Personen, Vorstellung der Aufgaben des Instituts, Vorstellung der Genbank, Information über die Biotechnologie-Firmen am Campus, Besichtigung des Samenkühllagers sowie des Herbariums- und der Samensammlung (Prof. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick).

9. Juni 2006

Führung von Studenten (3.–5. Semester) der Fachhochschule Neubrandenburg, 15 Personen, Fachbereich Pflanzenbau und Pflanzenschutz durch die Genbank-Außenstelle „Nord“, Erläuterung des Genbank-Managements für Öl- und Futterpflanzen (V. Miehe).

13. Juni 2006

Besuch von Schülern der 5. Klasse der Realschule Kirchdorf, 13 Personen, Führung durch die Teilsammlung Malchow der IPK-Genbank und die NPZ Saatzeit (V. Miehe).

14. Juni 2006

Projekttag: Unterricht in der Genbank und Imbiss mit Kräutern und essbaren Blüten, 4. Klasse der Grundschule Grevesmühlen, 21 Personen (V. Miehe).

17. Juni 2006

Besuch der Bundestagsabgeordneten Frau Petra Sitte sowie des Landesvorstandes der Linkspartei.PDS, Begrüßung im Rahmen der Eröffnungsveranstaltung anlässlich des Tages der offenen Tür, Information über das Pharma-Planta-Projekt, Vorstellung der Aufgaben des Genomzentrums, Besichtigung der Genbank (Prof. U. Wobus, Priv.-Doz. Dr. U. Conrad, Dr. N. Stein, Dr. U. Scholz, Dr. J. Kumlehn, Prof. A. Graner).

19. Juni 2006

Besuch von Auszubildenden der Beruflichen Schule des Landkreises Nordwestmecklenburg in Zierow, 26 Personen, Führung durch die Teilsammlungen Malchow der IPK-Genbank und Durchführung von Übungen zur Pflanzenbestimmung und Herbaranlage (V. Miehe, H. Weiß, E. Willner).

20. Juni 2006

Besuch von Botschaftern amerikanischer Staaten, 10 Personen, Vorstellung der Genbank (Prof. A. Graner).

22. Juni 2006

Besuch von Mitgliedern des Landwirtschaftsausschusses Mecklenburg-Vorpommern und Gästen im Rahmen ihrer 78. Sitzung in Malchow, 15 Personen, Führung durch die Teilsammlungen Malchow der IPK-Genbank sowie Diskussion über Forschungskooperationen (Dr. K.J. Dehmer, V. Miehe, E. Willner).

23. Juni 2006

Besuch von Absolventen der Landwirtschaftlichen Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 20 Personen, Begrüßung und Vorstellung des Instituts, Information über die Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen und des Sortimentsfeldes (Prof. A. Graner, Priv. Doz. Dr. A. Börner).

26. Juni 2006

Führung von InWEnt-Stipendiaten durch Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, 12 Personen (M. Angeli, U. Behrendt, Dr. K.J. Dehmer, K. Göhrke, M. Vandrey).

28. Juni 2006

Besuch von Auszubildenden der Beruflichen Schule des Landkreises Nordwestmecklenburg in Zierow, 23 Personen, Führung durch die Teilsammlungen Malchow der IPK-Genbank und Durchführung von Übungen zur Pflanzenbestimmung und Herbaranlage (V. Miehe, C. Paetsch, H. Weiß).

29. Juni 2006

Besuch von Studenten der Universität Hamburg, 17 Personen, Vorstellung des Instituts, Besuch der Genbank, Besichtigung des Herbariums und der Samensammlung, des Samenkühllagers und Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung, Feldführung, Informationen über die Biotechnologie-Firmen am Campus sowie über Einsatzmöglichkeiten für Diplomanden bzw. Absolventen (Prof. A. Graner, Dr. K. Pistrick, Dr. J. Keller, Dr. A. Senula, P. Schreiber, W. Mühlenberg).

30. Juni 2006

Besuch von Gartenbaustudenten der Fachhochschule Wiesbaden, Fachbereich Geisenheim, 13 Personen, Vorstellung des Instituts sowie der Aufgaben der Genbank, Besichtigungen des Herbariums, der Samen- und Fruchtsammlung, des Samenkühllagers, Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Analyse der Biodiversität mit molekularen Methoden, Feldführung (Prof. A. Graner, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, Dr. A. Senula, Dr. F. Blattner).

2. Juli 2006

Besuch von Absolventen der Agraringenieurschule für Versuchswesen Quedlinburg, 20 Personen, Vorstellung des Instituts, Genbankführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, B. Schmidt).

4. Juli 2006

Führung von Lehrlingen der Beruflichen Schule des Landkreises Nordwestmecklenburg in Zierow durch die Teilsammlungen Malchow der IPK-Genbank, Durchführung von Übungen zur Pflanzenbestimmung und Herbaranlage, 26 Personen (V. Miehe, C. Paetsch, H. Weiß).

7. Juli 2006

Besuch von Studenten der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 55 Personen, Vorstellung des Instituts insbesondere der Aufgaben der Genbank, Besichtigung des Herbariums, der Samen- und Fruchtsammlung, des Samenkühllagerhauses und des Genomzentrums (Prof. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, Dr. U. Lohwasser, Dr. P. Schweizer).

8. Juli 2006

Besuch von Staatssekretär a.D. Dr. Helm und Gästen, 20 Personen, Vorstellung des Instituts (Prof. Dr. U. Wobus).

14. Juli 2006

Führung von Frau Onsook Hur, National Highland Agricultural Research Institute, Süd-Korea, durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (M. Angeli, U. Behrendt, K.J. Dehmer, K. Göhrke, M. Vandrey).

18. Juli 2006

Besuch von Studenten der Universität Rostock, Institut für Biowissenschaften und Pflanzengenetik, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Besichtigung des Herbariums, der Samen- und Fruchtsammlung, des Samenkühllagers, Feldführung (Prof. A. Graner, Dr. J. Keller, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick).

18. Juli 2006

Führung von Gästen des Altstadttreffs Wismar durch die Teilsammlungen Malchow der IPK-Genbank, 12 Personen (V. Miehe).

21. Juli 2006

Besuch von InWEnt-Stipendiaten, 19 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Botanischen Vergleichssammlungen, des Samenkühllagers, Feldführung (Prof. A. Graner, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, P. Schreiber).

24. Juli 2006

Führung von Studenten des Fachbereichs Ökologische Agrarwissenschaften, Universität Kassel-Witzenhausen, durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, 10 Personen (U. Behrendt).

25. Juli 2006

Besuch von Studenten der Universität des Saarlandes, Fachrichtung Biowissenschaften, 12 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Erläuterung der *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Genbankdokumentation, Führungen durch die Botanischen Vergleichssammlungen, Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. H. Knüpfner, M. Grube, Dr. K. Pistrick).

2. August 2006

Führung von Gästen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, 3 Personen (M. Angeli, U. Behrendt).

7. August 2006

Führung von Dr. M. Renard und F. Arnaud, UMR INRA, Le Rheu, durch die *Brassica*-Sammlung der IPK-Genbank Außenstelle „Nord“ (E. Willner).

8. August 2006

Führung von Mitgliedern der Aachener Gesellschaft für Gartenkultur von 1882 e.V. durch die Teilsammlungen Malchow, 32 Personen (V. Miehe, E. Willner).

17. August 2006

Führung von Frau Liepelt, Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt, durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank (Dr. K.J. Dehmer).

28. August 2006

Führung einer Gruppe von Studenten der Tschetschenischen Universität Grozny durch die Botanischen Vergleichssammlungen unter besonderer Berücksichtigung des Materials von Sammelreisen im Kaukasusgebiet (Dr. K. Pistrick).

1. September 2006

Besuch der Geschäftsführer der Bauernverbände der Kreise und Regionen des Landes Sachsen-Anhalt, 18 Personen, Einführung in die Aufgaben der Genbank mit Besichtigung der Samensammlung und Versuchsfeldführung (W. Mühlenberg, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

2. September 2006

Besuch der Fachgruppe „Sachsen-Anhalt“ von der Deutschen Staudengesellschaft, 25 Personen, Besichtigung der Genbank und des Staudengartens (B. Schütze).

8. September 2006

Besuch einer Gruppe von Landwirten des nördlichen Harzvorlandes, 35 Personen, Information über die Aufgaben der Genbank, Führung durch Samenkühllager, Herbarium sowie Ähren- und Samensammlung (W. Mühlenberg, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick).

12. September 2006

Führung von Gästen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, ca. 30 Personen (M. Angeli, Dr. K.J. Dehmer, K. Göhrke, M. Vandrey).

14. September 2006

Besuch von Lehrern sowie gewählten Eltern- und Schülervertretern des Gymnasiums Oschersleben, 30 Personen, Vortrag zum Thema „Gentechnik in der Pflanzenzüchtung“, Aufgaben des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung und Vorstellung der Aufgaben der Genbank sowie Besichtigung des Samenkühllagers (Dr. habil. H. Bäumlein, W. Mühlenberg).

22. September 2006

Führung eines Studenten der I.N.S.A. Biochemie, Toulouse, durch die Genbank Außenstelle „Nord“ (V. Miehe, E. Willner).

26. September 2006

Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen der Genbank im Rahmen der Veranstaltung zur Verleihung des Titels „Ort im Land der Ideen“ (Dr. K. Pistrick).

27. September 2006

Führung von Referenten der ostdeutschen Landesanstalten durch die Teilsammlungen Genbank „Nord“ mit Versuchsfeldbesichtigung im Rahmen einer Sitzung der Arbeitsgemeinschaft GLOST in Malchow, 7 Personen (V. Miehe, E. Willner).

18. Oktober 2006

Besuch von Mitgliedern des Landschaftspflegevereins „Bode-Selke-Aue“, Wedderstedt, 15 Personen, Vorstellung der Arbeit des Instituts und Besichtigung des Staudengartens sowie der Außenanlagen (W. Mühlenberg, K. Tiebe).

18. Oktober 2006

Besuch von Mitgliedern des Ausschusses „Ökologischer Landbau“ beim Landesbauernverband Sachsen-Anhalt, 11 Personen, Vorstellung des Projektes „Erhöhung des Korn-Proteingehalts von Winterweizen“ und Diskussion (Dr. W. Weschke, Prof. A. Graner).

23. Oktober 2006

Besuch der Ministerin für Justiz des Landes von Sachsen-Anhalt, Prof. Angela Kolb, Vorstellung des Instituts, Information über den Stand der Stammzellforschung in Deutschland (Prof. U. Wobus, B. Eise, Prof. Anna M. Wobus).

24. Oktober 2006

Besuch von Mitgliedern des Gesprächskreises „Nachhaltigkeit“ der Rosa-Luxemburg-Stiftung, Berlin, 15 Personen, Vorstellung des Instituts mit dem Schwerpunkt der Information über Vorhaben zum Thema „Grüne Gentechnik“, Information über das Projekt „Erhöhung des Korn-Proteingehaltes von Winterweizen“ mit anschließender Gewächshausbesichtigung sowie Vorstellung der Aufgaben der Genbank und Besichtigung des Samenkühllagers (Prof. U. Wobus, Dr. W. Weschke, W. Mühlenberg).

8. November 2006

Besuch von ägyptischen Nachwuchswissenschaftlern, 6 Personen, Vorstellung der Arbeiten der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse, Besuch der Arbeitsgruppe Karyotypevolution, Information über Forschungsergebnisse der Arbeitsgruppe Hefegenetik mit anschließender Laborbesichtigung (Prof. I. Schubert, Dr. K. Tag).

17. November 2006

Besuch von Studenten der Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau, Fachschule Quedlinburg, Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen der Abteilung Genbank (Herbarium, Ähren-, Samen- und Fruchtsammlung) (Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, J. Marlow, W. Mühlenberg).

29. November 2006

Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente der IPK-Genbank, 1 Person (M. Angeli, K. Göhrke, M. Vandrey).

30. November – 1. Dezember 2006

Besuch von Mitarbeitern des Philipp-Morris-Instituts (PMI), Lausanne, Schweiz, 2 Personen, Gespräche und Erläuterungen der Arbeit in der Genbank sowie eine Führung durch die Genbank (Prof. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser).

7. Dezember 2006

Projekttag der 9. Klasse der Realschule Neuburg in der Genbank Außenstelle „Nord“, 19 Personen, Führung durch die Arbeitsammlungen (V. Miehe).

7. Dezember 2006

Besuch von Studenten des Instituts für Pflanzenzüchtung, Universität Stuttgart-Hohenheim, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und Besuch der Arbeitsgruppen Transkriptomanalyse, Taxonomie pflanzengenetischer Ressourcen, Ressourcengenetik und Reproduktion sowie *in vitro*-Erhaltung und Cryo-Lagerung (Prof. A. Graner, Dr. habil. L. Altschmied, Dr. K. Pistrick, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller).

7. Dezember 2006

Besuch einer Gruppe von Mitarbeitern des Europa-Rosariums Sangerhausen, 6 Personen, Erläuterungen zur Bedeutung der Dokumentation von Pflanzenmaterial in Botanischen Vergleichssammlungen für die praktische Arbeit mit pflanzengenetischen Ressourcen (Dr. K. Pistrick).

13. Dezember 2006

Rundgang mit Mitarbeitern des Instituts für Gartenbauwissenschaft der Humboldt-Universität Berlin, Vorstellung der Botanischen Vergleichssammlungen, 5 Personen (Dr. K. Pistrick).

15. Dezember 2006

Führung einer Besuchergruppe der „Loki-Schmidt-Genbank für Wildpflanzen“ des Botanischen Gartens der Universität Osnabrück durch die Botanischen Vergleichssammlungen, Erläuterung der Dokumentation pflanzengenetischer Ressourcen der Gaterslebener Genbank in Herbarium, Samen- und Fruchtsammlung sowie Ährensammlung (Dr. K. Pistrick).

Schülerpraktika, Projekt- tage, Weiterbildungsver- anstaltungen/ Practicals for School Students, Project Days, Seminars of Further Education

Im Rahmen der Initiative „Jugend forscht“ sind 2006 drei Projekte betreut worden:

Thema: „Klimawandel – Ist der Weizen gerüstet für die Zukunft?“
Betreuerin: Dr. Anette Weidner
Schule: Europagymnasium Richard von Weizsäcker, Thale

Thema: „Morphologische und histologische Charakterisierung von Plastiden der Epidermis in Pflanzen“
Betreuer: Dr. Michael Melzer
Schule: Gymnasium Stephaneum, Aschersleben

Thema: „Identifizierung von genetischen Faktoren der Akkumulation von Cumarinen in Tabakwurzeln“
Betreuer: Dr. Hans-Peter Mock.
Schule: Gymnasium, Quedlinburg

Mitarbeiter des Instituts haben 54 Schülerpraktika mit insgesamt 156 Wochenstunden betreut.
Daneben haben Mitarbeiter diverse Veranstaltungen des „Grünen Labors“ unterstützt.

Pressemitteilungen/ Press Releases

1. Juni 2006

Von Genanalysen und Speisen aus fernen Ländern: Tag der offenen Tür und Fest der Begegnung am Biotechnologiestandort Gatersleben.

16. Juni 2006

Von der Mutation zur Genfunktion: Erster internationaler GABITILL Workshop am IPK Gatersleben.

27. Juli 2006

Information über einen Antrag auf Genehmigung der Freisetzung von gentechnisch verändertem Winterweizen (*Triticum aestivum*).

8. August 2006

Einladung zum Gaterslebener Gespräch: „Risikokommunikation – Wahrnehmung und Bewältigung von Risiken“.

6. September 2006

IPK Gatersleben verwendet SRS Oracle Gateway zur Datenintegration ins Plant Data Warehouse.

25. September 2006

Verleihung des Gaterslebener Forschungspreises an Göttinger Wissenschaftler.

5. Oktober 2006

Auf der Jagd nach Genfunktionen der Gerste bei Mehltreibbefall.

1. Dezember 2006

Freisetzung von gentechnisch verändertem Winterweizen zu Forschungszwecken am IPK genehmigt.

5. Dezember 2006

Zwischen Tradition und Fortschritt – die zentrale *ex situ*-Genbank am IPK Gatersleben.

Beiträge in der Presse und den Medien/ Contributions in Press and Media

(soweit erfasst/as for registered)

12. Januar 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Doktoranden mit Gemeinschaftssinn“ (Prof. Dr. U. Wobus).

31. Januar 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Biosensor ist Hormon auf der Spur“ (Prof. Dr. G. Kunze, Dr. K. Tag).

6. Februar 2006

mdr, Fernsehen, Sendung „Sachsen-Anhalt heute“, „Biosensoren“ (Prof. Dr. G. Kunze, Dr. K. Tag).

10. Februar 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „DNA-Sensor als Nachweis für Pilze“ (Dr. K. Tag).

1. April 2006

inform, „Genen auf der Spur“ (W. Mühlenberg).

25. April 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Gute Noten für Gen-Forscher“ (Prof. Dr. U. Wobus).

16. Mai 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Austausch der Landkreise bei strahlendem Himmelblau“ (Prof. Dr. A. Graner).

22. Mai 2006

SPIEGEL ONLINE, Redaktion Wirtschaft, „Ausländische Forscher im Osten“ (B. Eise).

7. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Biostandort öffnet seine Türen weit“ (W. Mühlenberg).

9. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Führungen durch Labore und Gewächshäuser“ (W. Mühlenberg).

10. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Ohne Ausländer auch weniger deutsche Jobs in Gatersleben“ (B. Eise).

10. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Forscher lüften Geheimnisse und bieten exotische Leckereien“ (W. Mühlenberg).

11. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Fest der Begegnung“ (W. Mühlenberg).

19. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Wissenschaft zum Anfassen“ (W. Mühlenberg).

19. Juni 2006

Volksstimme, „Mikroskop gegen die Herdplatte getauscht“ (W. Mühlenberg).

22. Juni 2006

NDR-Beitrag zur „Pflanzung von gentechnisch-veränderten Kartoffeln in Groß Lüsewitz durch die Firma Biovativ mit Stellungnahme der Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente zur möglichen Gefährdung der Kartoffelreproduktionen der IPK-Genbank“ (Dr. K.J. Dehmer).

29. Juni 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Lächeln gegen den Teufelskopf“ (W. Mühlenberg).

3. Juli 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Gaterslebener Gespräche“ (W. Mühlenberg).

27. Juli 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Neuer Versuch mit Gen-Weizen“ (W. Mühlenberg).

10. August 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Bewältigung von Risiken diskutiert“ (W. Mühlenberg).

14. August 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Grüne Gentechnik diskutiert“ (Prof. Dr. U. Wobus).

15. August 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Wissenschaft und Kunst“ (Prof. Dr. U. Wobus).

16. August 2006

Radio hbw, Interview „Zielstellung des Freisetzungsversuchs mit transgenem Winterweizen“ (Prof. Dr. U. Wobus).

4. September 2006

Radio SAW, Interview „Zielstellung des Freisetzungsversuchs mit transgenem Winterweizen“ (Prof. Dr. U. Wobus).

6. September 2006

mdr, info, Hörfunk, Interview „Freisetzungsantrag mit transgenem Winterweizen“ (W. Mühlenberg).

8. September 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Privatleute geben Geld für Forschung“ (W. Mühlenberg).

18. September 2006

mdr, Fernsehen, Dreharbeiten für einen Beitrag „Unterwegs in Sachsen-Anhalt“ (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, P. Schreiber).

19. September 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Ausländische Wissenschaftler holen sich Rüstzeug am IPK“ (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).

19. September 2006

Bayerischer Rundfunk, Interview „Aufgaben der Genbank“ (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller).

20. September 2006

mdr, Rundfunk, Interview „Zielstellung des Freilandversuchs mit transgenem Winterweizen“ (Dr. W. Weschke).

27. September 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Für stets vitalen Nachwuchs“ (Prof. Dr. A. Graner).

29. September 2006

Mitteldeutsche Zeitung, „Wir sind sicher, dass es keine Probleme geben wird“ (Prof. Dr. U. Wobus).

27. November 2006

ZDF, Beitrag für Heute-Journal, „Aussaat des transgenen Winterweizens“ (Dr. W. Weschke).

28. November 2006

Volksstimme, „Trotz Protesten: Erster Genweizen-Probeanbau seit zwei Jahren“ (Dr. W. Weschke).

28. November 2006

Financial Times, „Erstmals wieder Genweizen ausgebracht“ (W. Mühlenberg).

Messen und Ausstellungen/ Fairs and Exhibitions



Fig. 53: Dr. Kristina Tag erläutert einem Besucher den Nachweis mykorrhizierter Pflanzen mittels DNA-Sensoren.

9.–12. April 2006

Beteiligung am Deutschen Gemeinschaftsstand „Schwerpunkt Pflanzenbiotechnologie in Deutschland“ auf der BIO 2006 in Chicago, USA. Präsentation eines Posters zum Thema “Genetically New Winter Wheat with Increased Grain Protein Content” (Dr. W. Weschke).

25.–28. April 2006

Beteiligung an Gemeinschaftsstand der Länder Sachsen-Anhalt, Sachsen und Thüringen anlässlich der ANALYTICA in München. Präsentation des Exponates zum Thema „DNA-Sensoren zum Nachweis mykorrhizierter Pflanzen“ (Dr. K. Tag).



Fig. 54: Pflanzenvielfalt lädt anlässlich des Tages der offenen Tür in Malchow zum Staunen und Nachfragen ein (Foto: G. Richter).

13. Mai 2006

Tag der offenen Tür in den Teilsammlungen Malchow der IPK-Genbank mit Führungen und Erläuterungen zum Thema „Der Raps und seine vielfältigen Gesichter“ (Demonstrationsanbau, Ahnentafel bei Raps und seine vielfältigen Nutzungsmöglichkeiten „Ölbaum“, Vergleichsanbau: Sortenentwicklung bei Raps, Muster aus der Winterraps-Kernsammlung, Videovorführung zu Pflanzengenetischen Ressourcen; Kräuteröl- und kleiner Pflanzenmarkt, ca. 150 Personen (M. Hautmann, P. Hermann, V. Miehe, C. Paetsch, R. Rudloff, H. Schmalfeldt, H. Weiß, E. Willner).

20. Mai 2006

Teilnahme der Außenstelle „Nord“, Standort Malchow, am 4. Landesrapoblütenfest Mecklenburg-Vorpommern in Sternberg, Organisation einer Ausstellung „Genetische Vielfalt bei Raps & Co.“ sowie Bastelstand (S. Kazoora, V. Miehe, E. Willner).

14. Juli 2006

Auf Einladung der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg hat das IPK an der 5. Langen Nacht der Wissenschaften in Halle teilgenommen. Sie fand unter dem Motto „Wissenschaft zum Anfassen“ als Auftaktveranstaltung zum 10. Sachsen-Anhalt-Tag (14. bis 16. Juli 2006) statt.

Das IPK war auf dem Universitätsplatz im Melanchthonianum mit vier Exponaten auf einer Fläche von 70 m² präsent. Neben Informationen über das Institut wurden das Pharma-Planta-Projekt (D. Floß), die Funktionsweise von molekularen Markern in der Pflanzenzüchtung und Genomanalyse und das Prinzip der Polymerasekettenreaktion (Dr. I. Matthies, S. Kirsten) sowie ausgewählte Themen aus der Arbeit der Kulturpflanzenbank (M.-L. Graichen, M. Kotter) vorgestellt.

9. September 2006

Das IPK beteiligte sich mit zwei Postern an der vom Netzwerk Inno-Planta e.V. organisierten Gemeinschaftsausstellung mit Posterbeiträgen zu den Themen „Die bundeszentrale *ex situ*-Genbank am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben“ (W. Mühlenberg) und „Phytofarming: Produktion von Eiweißen in Pflanzen für therapeutische und technische Zwecke“ (Priv.-Doz. Dr. U. Conrad).

14.–17. September 2006

Die Außenstelle „Nord“ präsentierte sich auf dem Gemeinschaftsstand des Rates für Agrarwissenschaften Mecklenburg-Vorpommern mit dem Ausstellungsstand zum Thema „Teilsammlungen ‚Nord‘ der IPK-Genbank“ (U. Behrendt, Dr. K.J. Dehmer, K. Göhrke, R. Rudloff, C. Paetsch, E. Willner).



Fig. 55: Großes Interesse fand die Ausstellung verschiedener Heil- und Gewürzpflanzen (Foto: F. Schröder).



Fig. 56: Die Identifizierung der ausgestellten Gerste- und Weizenproben war für die Besucher eine Herausforderung (Foto: F. Schröder).



Fig. 57: Doreen Floß erläutert Besuchern das „Pharma-Planta-Projekt“ (Foto: F. Schröder).

Übersicht Drittmittelprojekte/ Overview of Additional Funding

Stand: 31.12.2006

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| ABTEILUNG GENBANK <i>Bereich: Charakterisierung & Dokumentation</i> | | | | | |
| Arbeitsgruppe Genomdiversität | | | | | |
| Deutsch-Ungarische Forschungsbasis - PlantResource I, Teilprojekt 2 | Dr. N. Stein | 01.12.2004 31.03.2006 | BMBF/DLR 101120 | 61.975,72 | 4.377,63 ³⁾ |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP2-TP4 „Duplikatermittlung“ | Dr. K. Dehmer | 01.12.2002 31.01.200 | BMBF 131103 | 281.413,86 | 6.711,58 ³⁾ |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Arbeitsgruppe Plant Data Warehouse | Dr. N. Stein Prof. I. Große Dr. H. Knüpfner Dr. U. Scholz | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 161101 | 583.772,25 | 136.392,75 ³⁾ |
| Verknüpfung von Genomforschung und genetischer Diversität: Assoziation zwischen DNA-Polymorphis- mus und Merkmalsvariationen bei Gerste und Roggen (Teilprojekt 1) | Dr. S. Stracke | 01.08.2004 31.07.2006 | BMBF 171102 | 171.694,00 | 54.111,62 |
| GABI-Malt: Ein integrierter Ansatz zur Identifizie- rung von Kandidatengeneten für das Merkmal Brau- qualität bei Gerste | Prof. A. Graner Dr. M. Röder | 01.08.2004 31.07.2007 | BMBF 171121 | 379.986,00 | 88.570,04 ³⁾ |
| GABI-TILL: Aufbau einer zentralen Plattform zur Untersuchung von Leitgen-Funktionen in Feld- früchten mit Hilfe der TILLING-Technologie | Dr. N. Stein | 01.09.2004 31.08.2007 | BMBF 171122 | 459.010,00 | 150.645,02 |
| Analyse von Sequenzmustern am Cxp1-Gen bei Gerste und ihre Assoziation mit Brauqualitäts- parametern | Prof. A. Graner | 27.03.2006 26.06.2006 | DFG 201110 | 6.900,00 | 6.900,00 |
| German-Hungarian distributed project PlantResource to develop genetics for food production | Dr. N. Stein Prof. A. Graner Dr. A. Börner Dr. P. Schweizer | 01.10.2005 31.10.2006 | MK-LSA 301101 | 70.725,21 | 26.623,61 ³⁾ |
| Construction of a chromosome 3H specific BAC library for physical mapping in barley | Dr. N. Stein | 01.01.2006 31.12.2007 | DAAD 801111 | 4.606,00 | 1.342,00 |
| Exploration of genetic resources collections at ICARDA for adaptation to climate change | Prof. A. Graner | 01.01.2003 31.12.2006 | 1010133 921102 | 370.452,71 | 138.798,67 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 2.390.535,75 | 614.472,92 |
| Arbeitsgruppe Genbankdokumentation | | | | | |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kultur- pflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-Gat „Datenverarbeitung“ | Dr. H. Knüpfner | 01.02.2002 31.05.2006 | BMBF 131401 | 1.356.442,21 | 213.097,32 ³⁾ |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|---|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-Mal „Datenverarbeitung“ | Dr. H. Knüppfer E. Willner | 01.02.2002 31.01.2006 | BMBF 131402 | 25.318,88 | 120,61 ³⁾ |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-Gat „Datenerfassungskräfte“ | Dr. H. Knüppfer | 01.02.2002 31.01.2006 | BMVEL 141401 | 93.628,14 | 1.954,65 ³⁾ |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-Mal „Datenerfassungskräfte“ | Dr. H. Knüppfer E. Willner | 01.02.2002 31.01.2006 | BMVEL 141402 | 49.961,80 | 361,81 ³⁾ |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Arbeitsgruppe Plant Data Warehouse | Dr. H. Knüppfer Prof. I. Große Dr. N. Stein Dr. U. Scholz | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 161101 | 583.772,25 | 136.392,74 ³⁾ |
| Kassenübertrag 2005 | Dr. H. Knüppfer | | EU 701402 | | -22.213,13 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 2.109.123,27 | 329.714,00 |
| Arbeitsgruppe Plant Data Warehouse (BIC-GH-Gruppe) | | | | | |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Arbeitsgruppe Plant Data Warehouse | Prof. I. Große Dr. H. Knüppfer Dr. N. Stein Dr. U. Scholz | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 161101 | 583.772,25 | 136.392,74 ³⁾ |
| GABI-Trilateral: Etablierung eines Netzwerkes samenspezifischer Genexpression und Analyse seiner Biodiversität (ARABIDO-SEED) | Prof. I. Große Dr. H. Bäumlein Dr. U. Conrad Dr. L. Altschmied | 01.09.2004 31.08.2007 | BMBF 171103 | 75.844,00 | 33.942,95 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 659.616,25 | 170.335,69 |
| Summe Bereich Charakterisierung Dokumentation | | | | 5.159.275,27 | 1.114.522,61 |
| ABTEILUNG GENBANK Bereich: Management & Evaluierung | | | | | |
| Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion | | | | | |
| Deutsch-ungarische Forschungsbasis – PlantResource I, Teilprojekt 3 | Dr. A. Börner Dr. N. Stein Dr. P. Schweizer | 01.12.2004 31.03.2006 | BMBF/DLR 101210 | 53.813,30 | 1.824,06 ³⁾ |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP2-TP2 „Vermehrungsanbau“ | Dr. A. Börner | 01.02.2003 31.01.2006 | BMBF 131101 | 956.605,01 | 24.060,06 ³⁾ |
| Genetics analysis of Eml (Embryo lethality) genes in rye and wheat | Dr. A. Börner | 01.02.2006 31.05.2006 | DFG 201203 | 8.400,00 | 8.400,00 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--|--------------------------|-----------------------------------|--|-----------------------------------|
| German-Hungarian distributed project PlantResource to develop genetics for food production | Dr. A. Börner Dr. N. Stein Prof. A. Graner Dr. P. Schweizer | 01.10.2005 30.09.2007 | MK LSA 301201 | 71.183,58 | 36.178,87 ³⁾ |
| PPP Ungarn; Improvement of drought in wheat using genebank collections | Dr. A. Börner | 01.01.2005 31.12.2006 | DAAD 801212 | 8.227,00 | 4.473,00 |
| Georg Forster-Forschungsstipendium der Alexander von Humboldt-Stiftung für Dr. N. Iqbal, Pakistan | Dr. A. Börner | 01.09.2005 30.06.2006 | A. v. Humboldt-Stiftung 901213 | 23.354,00 | 12.104,00 |
| 13 Langzeitstipendiaten 2006: Pflanzengenetische Vielfalt und Ernährungssicherung. Der Schwerpunkt: Sammlung, Erhaltung, Charakterisierung, Dokumentation und Evaluierung genetischer Ressourcen von Kulturpflanzen | Dr. A. Börner | 01.03.2006 30.09.2006 | InWEnt 901214 | 61.911,11 | 61.911,11 |
| Collection, distribution, phenotyping and genotyping directed towards utilization of existing wheat genetics stocks to enhance tolerance/resistance of wheat cultivars to biotic and biotic stresses | Dr. A. Börner | 17.11.2005 31.12.2007 | MEXICO 921201 | 1.302,49 | 1.264,89 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 1.184.796,49 | 150.215,99 |
| Arbeitsgruppe <i>In vitro</i>-Erhaltung und Cryo-Lagerung | | | | | |
| Datenerfassung zur genetischen Variabilität und Analytik von Arznei- und Gewürzpflanzen | Dr. J. Keller | 01.10.2006 30.09.2007 | BAZ/BMBF 101310 | 32.500,00 | 8.150,00 |
| Der Einfluss unterschiedlicher Kälteresistenz und osmotischwirksamer Substanzen auf physiologische Prozesse beim Wiedererwärmen aus der Lagerung im flüssigen Stickstoff bei Kartoffelarten (<i>Solanum tuberosum</i> und <i>S. acaule</i>) | Dr. J. Keller | 01.05.2006 31.07.2006 | DFG 201301 | 6.655,20 | 6.655,20 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 39.155,20 | 14.805,20 |
| Arbeitsgruppe Außenstelle „Nord“ | | | | | |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-Mal „Datenverarbeitung“ | E. Willner Dr. H. Knüpfper | 01.02.2002 31.01.2006 | BMBF 131402 | 25.318,88 | 120,60 ³⁾ |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-Mal „Datenerfassungskräfte“ | E. Willner Dr. H. Knüpfper | 01.02.2002 31.01.2006 | BMVEL 141402 | 49.961,80 | 361,81 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 75.280,68 | 482,41 |
| Summe Bereich Management & Evaluierung | | | | 1.299.232,37 | 165.503,60 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|--|---|--------------------------|----------------------------------|--|-----------------------------------|
| ABTEILUNG GENBANK Bereich: Taxonomie & Evolution | | | | | |
| Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie | | | | | |
| Mechanisms of speciation in Southeast Asian antplants of the genus <i>Macaranga</i> (Euphorbiaceae) associated with <i>Crematogaster</i> ants | Dr. F. Blattner | 01.03.2004 31.12.2006 | DFG 202122 | 23.400,00 | 15.038,14 |
| Speciation mechanisms underlying rapid radiations in South American and Central Asian species of <i>Hordeum</i> (Poaceae) | Dr. F. Blattner | 01.07.2004 17.09.2006 | DFG 202123 | 84.938,79 | 23.530,38 |
| Speciation mechanisms underlying rapid radiations in South American and Central Asian species of <i>Hordeum</i> (Poaceae) Schwerpunktprogramm: Radiationen – Genese biologischer Diversität | Dr. F. Blattner | 01.03.2006 28.02.2008 | DFG 202124 | 105.900,00 | 30.000,00 |
| Mechanisms of speciation in Southeast Asian antplants of the genus <i>Macaranga</i> (Euphorbiaceae) associated with <i>Crematogaster</i> ants, Schwerpunktprogramm: Radiationen – Genese biologischer Diversität | Dr. F. Blattner | 01.03.2006 28.02.2008 | DFG 202125 | 25.000,00 | 2.100,00 |
| Forschungsreise zur Evaluierung und phylogenetischen und populationsbiologischen Untersuchungen westafrikanischer Kürbisgewächse (Cucurbitaceae) | Dr. F. Blattner | 01.05.2005 31.12.2006 | DFG 202126 | 5.462,00 | 5.462,00 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 244.700,79 | 76.130,52 |
| Arbeitsgruppe Taxonomie pflanzengenetischer Ressourcen | | | | | |
| Pharmaceutical value of onions and related species (<i>Allium</i> L.) of Middle Asia and the Caucasus (PharmAll) | Dr. R. Fritsch Dr. K. Pistrick | 01.01.2006 30.06.2007 | Volkswagen Stiftung 902302 | 48.400,00 | 21.800,00 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 48.400,00 | 21.800,00 |
| Summe Bereich Taxonomie & Evolution | | | | 293.100,79 | 97.930,52 |
| Gesamtzuwendung Abt. Genbank | | | | 6.751.608,42 | 1.377.956,73 |
| ABTEILUNG CYTOGENETIK UND GENOMANALYSE Bereich: Cytogenetik | | | | | |
| Arbeitsgruppe Karyotypevolution | | | | | |
| Identification and functional characterization of protein components of the plant kinetochore complex | Prof. I. Schubert | 01.01.2005 31.12.2006 | DFG 203144 | 112.500,00 | 56.326,03 |
| Dynamics of interphase chromosome territories and occurrence of homologous pairing of <i>Arabidopsis</i> chromosomes | Prof. I. Schubert | 01.01.2004 31.07.2006 | DFG 203148 | 100.025,41 | 25.476,42 |
| Dynamics of interphase chromosome territories and occurrence of homologous pairing of <i>Arabidopsis</i> chromosomes | Prof. I. Schubert | 01.08.2006 31.07.2007 | DFG 203156 | 48.000,00 | 15.000,00 |
| Concerted evolution of histone methylation marks and other chromatin features | Dr. J. Fuchs Prof. I. Schubert Dr. A. Houben Dr. M. F. Mette | 01.10.2005 31.12.2008 | UNI Halle/MK LSA 323101 | 149.425,00 | 57.724,31 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 409.950,41 | 154.526,76 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| Arbeitsgruppe Chromosomen- struktur/-funktion | | | | | |
| Analysis of the relationship between heterosis and the epigenetic of DNA and histones in <i>Arabidopsis thaliana</i> | Dr. A. Houben Dr. M. F. Mette | 13.06.2005 12.06.2007 | DFG 203153 | 34.300,00 | 15.300,89 ³⁾ |
| Isolation von phosphorylierungsabhängigen Histon H3-Interaktoren und Substratcharakterisierung von AtAurora-Kinasen in <i>Arabidopsis thaliana</i> | Dr. A. Houben | 01.08.2005 31.12.2007 | DFG 203155 | 165.400,00 | 78.877,04 |
| Genomplatizität und Neuformation von Chromosomen | Dr. A. Houben | 01.05.2003 30.04.2006 | MK LSA 303114 | 151.751,46 | 7.002,54 |
| Regulation der Chromosomendynamik in Pflanzen – Isolierung und Charakterisierung von NIMA-ähnlichen Kinasen | Dr. A. Houben | 01.10.2005 30.09.2008 | MK LSA 303116 | 92.858,75 | 26.967,25 |
| Chromosome condensation and histon phosphorylation | Dr. A. Houben Dr. M. F. Mette Dr. J. Fuchs | 01.10.2005 31.12.2008 | UNI Halle/MK LSA 323102 | 149.425,00 | 56.855,59 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 593.735,21 | 185.003,31 |
| Arbeitsgruppe Epigenetik | | | | | |
| Analysis of the relationship between heterosis and the epigenetic of DNA and histones in <i>Arabidopsis thaliana</i> | Dr. M. F. Mette Dr. A. Houben | 13.06.2005 12.06.2007 | DFG 203153 | 34.300,00 | 15.300,88 ³⁾ |
| Beitrag von Struktur und chromosomaler Lokalisation der Zielgene zur RNA-induzierten transkriptionellen Genaktivierung in <i>Arabidopsis thaliana</i> | Dr. M. F. Mette | 01.01.2005 31.12.2008 | SFB 648 - DFG 233101 | 387.200,00 | 99.400,00 |
| Reisekosten zu 233101 | Dr. M. F. Mette | 01.01.2005 31.12.2008 | SFB 648 - DFG 233102 | 2.141,56 | 1.500,00 |
| Antagonisten der Geninaktivierung | Dr. M. F. Mette | 01.10.2005 30.09.2007 | MK LSA 303115 | 128.593,66 | 63.302,72 |
| The impact of sequence organization and epigenetic modification on local chromatin arrangement | Dr. M. F. Mette Dr. A. Houben Dr. J. Fuchs | 01.10.2005 31.12.2008 | UNI Halle/MK LSA 323103 | 149.425,00 | 57.305,41 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 701.660,22 | 236.809,01 |
| Arbeitsgruppe Mustererkennung (BIC-GH-Gruppe) | | | | | |
| 3-D-Mikrodissektion biologischer Objekte und Analyse schock-gefrorener molekularer Komponenten | Dr. U. Seiffert Dr. A. Matros Dr. W. Weschke | 01.07.2006 30.06.2009 | BMBF 103921 | 166.972,00 | 26.382,00 ³⁾ |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Erkennung räumlich-zeitlicher Entwicklungsmuster | Dr. U. Seiffert Dr. P. Schweizer Prof. U. Wobus | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 163901 | 394.557,19 | 71.574,33 ³⁾ |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle Management und Ausbildung | Dr. U. Seiffert | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 165702 | 241.519,00 | 55.131,76 ³⁾ |
| GABI-SEED II - Gerste als Modell- und Nutzpflanzen: Genexpression-Netzwerke zur Bestimmung nutzungsrelevanter Merkmale des Getreidesamens | Dr. U. Seiffert Dr. M. Röder Prof. U. Wobus Dr. W. Weschke Dr. H.-P. Mock Dr. H. Bäumlein | 01.07.2004 30.06.2007 | BMBF 173902 | 186.980,00 | 46.907,67 ³⁾ |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--------------------|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| 4D-Entwicklungsgradienten im Endosperm der Gerste: biologischer Nachweis, virtuelle Rekon- struktion und Identifizierung von Regulatorgenen | Dr. U. Seiffert | 01.01.2006 14.11.2008 | DFG 203906 | 108.000,00 | 24.500,00 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 1.098.028,19 | 224.495,76 |

| Arbeitsgruppe In vitro-Differenzierung | | | | | |
|--|-------------------|--------------------------|--|---------------------|---------------------|
| Entwicklung von Strategien zur Differenzierung von ES-Zellen in endodermale Vorläuferzellen und funktionelle hepatische Zellen (Verbundprojekt: Stammzell-basierte Leberregeneration) | Prof. A. M. Wobus | 01.09.2005 31.08.2008 | DLR/BMBF 103705 | 264.588,00 | 87.000,00 |
| Schwerpunktprogramm „Embryonale und gewebe- spezifische Stammzellen: Regenerative Zellsysteme für einen Zell- und Gewebeersatz“ | Prof. A. M. Wobus | 01.09.2005 28.02.2008 | DFG 203711 | 205.500,00 | 87.462,66 |
| Schwerpunktprogramm „Embryonale und gewebe- spezifische Stammzellen: Regenerative Zellsysteme für einen Zell- und Gewebeersatz“ | Prof. A. M. Wobus | 01.04.2005 31.03.2007 | DFG 203712 | 59.440,00 | 26.619,77 |
| Functional Genomics in Engineered ES cells (FunGenES) | Prof. A. M. Wobus | 01.03.2004 28.02.2007 | EU 713700 | 306.000,00 | -34.305,48 |
| Application and process optimization of human stem cells for myocardium repair (SC&CR) | Prof. A. M. Wobus | 01.02.2004 31.01.2007 | EU 713701 | 191.618,00 | -5.562,90 |
| “TherCord: Development and preclinical testing of cord blood-derived cell therapy products“ | Prof. A. M. Wobus | 01.05.2006 30.04.2009 | EU 713702 | 200.000,00 | 133.440,00 |
| Supramolekulare Zellchemie | Prof. A. M. Wobus | 01.01.1998 31.12.2006 | Fonds der Chemischen Industrie 903701 | 3.045,83 | 258,96 |
| Forschungspreis, Frau Alexandra Rolletschek | Prof. A. M. Wobus | 01.03.2006 31.12.2006 | D1010156 903707 | 400,00 | 400,00 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 1.230.591,83 | 295.313,01 |
| Summe Bereich Cytogenetik | | | | 4.033.965,8 | 1.096.147,85 |

| ABTEILUNG CYTOGENETIK UND GENOMANALYSE | | Bereich: Genomanalyse | | | |
|---|--|------------------------------|----------------------------|------------|--------------------------|
| Arbeitsgruppe Transkriptomanalyse | | | | | |
| PlantResource I - To Develop Genetics Resources for Safe Food Production, Teilprojekt 1 | Dr. P. Schweizer Dr. N. Stein Dr. A. Börner | 01.12.2004 31.03.2006 | DLR/BMBF 103920 | 45.516,60 | -1.122,98 ³⁾ |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Erkennung räumlich-zeitlicher Entwicklungsmuster | Dr. P. Schweizer Dr. U. Seiffert Prof. U. Wobus | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 163901 | 394.557,19 | 71.574,33 ³⁾ |
| German-Hungarian Distributed Project PlantResource to develop genetics for food production | Dr. P. Schweizer Dr. A. Börner Dr. N. Stein Prof. A. Graner | 01.10.2005 30.09.2007 | MK LSA 303903 | 70.689,20 | 27.513,64 ³⁾ |
| Biowissenschaften: Strukturen und Mechanis- men biologischer Informationsverarbeitung | Dr. P. Schweizer Dr. H.-P. Mock | 01.10.2005 31.12.2008 | UNI Halle/MK LSA 323901 | 20.500,00 | 4.600,80 ³⁾ |
| BioExploit: Exploitation of natural plant biodiversity for the pesticide-free production of food | Dr. P. Schweizer Dr. J. Kumlehn | 01.10.2005 30.09.2010 | EU 713920 | 329.200,00 | 110.368,09 ³⁾ |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| PRO-GABI: Ein Netzwerk zur Identifizierung, Charakterisierung und Optimierung neuer monokotylspezifischer Promotoren für die Herstellung pilzresistenten Weizens | Dr. P. Schweizer Dr. J. Kumlehn | 01.07.2004 30.06.2007 | 1010124 913909 | 213.066,96 | 71.790,07 ³⁾ |
| | Dr. P. Schweizer Dr. J. Kumlehn | 01.07.2004 30.06.2007 | 1010124 916026 | 124.723,48 | 41.756,09 ³⁾ |
| GABI-NONHOST: - A Consortium-Based Functional Genomics Initiative on Plant Nonhost Disease Resistance | Dr. P. Schweizer | 01.01.2006 31.12.2007 | 1010124 913910 | 249.096,00 | 123.906,00 |
| GABI-CANADA: Reduzierung des Gehaltes an <i>Fusarium</i> -Toxinen in Weizen mit einem genomischen Ansatz/Teilprojekt A | Dr. P. Schweizer | 01.10.2006 30.09.2009 | BMBF/TU München 913920 | 221.966,00 | 17.678,01 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 1.669.315,43 | 468.064,05 |
| Arbeitsgruppe Expressionskartierung | | | | | |
| GABI-Trilateral: Etablierung eines Netzwerkes sa- menspezifischer Genexpression und Analyse seiner Biodiversität (ARABIDO-SEED) | Dr. L. Altschmied Dr. H. Bäumlein Prof. I. Große Dr. U. Conrad | 01.09.2004 31.08.2007 | BMBF 175702 | 29.500,00 | 10.023,93 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 29.500,00 | 10.023,93 |
| Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung | | | | | |
| Deutsch-russ. Zusammenarbeit auf dem Gebiet der Agrarforschung: Studienaufenthalt der russ. Wissenschaftlerin Dr. Irina Leonova zu Projekt 101 der Kooperationsvereinbarung 2004/2005 „Weizen- mikrosatellitenmarker zur Kartierung und Eva- luierung von Weizengenen“ | Dr. M. Röder | 24.11.2006 24.12.2006 | BMVEL 103915 | 2.300,00 | 1.500,00 |
| GABI-Malt: Ein integrierter Ansatz zur Identifizie- rung von Kandidatengenen für das Merkmal Brau- qualität bei Gerste | Dr. M. Röder Prof. A. Graner | 01.08.2004 31.07.2007 | BMBF 173903 | 341.288,00 | 121.121,30 ³⁾ |
| GABI-SEED II - Gerste als Modell- und Nutzpflanzen: Genexpression-Netzwerke zur Bestimmung nut- zungsrelevanter Merkmale des Getreidesamens | Dr. M. Röder Prof. U. Wobus Dr. W. Weschke Dr. H.-P. Mock Dr. U. Seiffert Dr. H. Bäumlein | 01.07.2004 30.06.2007 | BMBF 173901 | 303.152,00 | 126.252,59 ³⁾ |
| Validierung eines molekularen Markers für Aus- wuchsresistenz bei Weizen | Dr. M. Röder | 17.08.2006 07.10.2006 | DAAD 803901 | 3.692,00 | 3.692,00 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 650.432,00 | 252.565,89 |
| Arbeitsgruppe Bioinformatik | | | | | |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Arbeits- gruppe Plant Data Warehouse | Dr. U. Scholz Prof. I. Große Dr. H. Knüpfner Dr. N. Stein | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 161101 | 583.772,26 | 136.392,74 ³⁾ |
| GABI-Trilateral: Vergleichende Genomforschung zur Regulation der Meristemaktivität bei Nachtschatten- gewächsen (Solanaceae) - (Genosome) - Teilprojekt 1 | Dr. U. Scholz | 01.09.2004 31.12.2007 | BMBF 175901 | 74.379,39 | 22.783,33 ³⁾ |
| | Dr. U. Scholz | 01.09.2004 31.12.2007 | BMBF 176006 | 40.710,61 | 550,05 ³⁾ |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| Systems analysis of biopathways | Dr. U. Scholz | 01.07.2006 31.07.2006 | DAAD 805901 | 3.692,00 | 3.692,00 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 702.554,26 | 163.418,12 |
| Summe Bereich Genomanalyse | | | | 3.051.801,69 | 894.071,99 |
| Summe Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse | | | | 7.085.767,55 | 1.990.219,84 |
| ABTEILUNG MOLEKULARE GENETIK | | | | | |
| Arbeitsgruppe Genwirkung | | | | | |
| 3-D-Mikrodissektion biologischer Objekte und Analyse schock-gefrorener molekularer Komponenten | Dr. W. Weschke Dr. U. Seiffert Dr. A. Matros | 01.07.2006 30.06.2009 | BMBF 105103 | 366.834,00 | 59.739,00 ³⁾ |
| Analyse der Veränderungen des C- und N-Metabolismus in Samen transgener Winterweizenpflanzen | Dr. W. Weschke | 01.05.2004 30.06.2006 | BMBF-70 % 115103 | 197.883,00 | 50.554,38 |
| | | | D10101110-30 % 115103 | 84.806,00 | 21.666,16 |
| Gezielte Erhöhung des Proteingehaltes in Futtererbsen durch Veränderung pflanzeneigener Gene | Dr. H. Weber Dr. I. Saalbach | 01.05.2004 30.06.2006 | BMBF-70% 115104 | 72.578,95 | 16.675,62 ³⁾ |
| | | | IPK-Anteil-30 % 115104 | 31.105,26 | 7.146,70 |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle: Erkennung räumlich-zeitlicher Entwicklungsmuster | Prof. U. Wobus Dr. U. Seiffert Dr. P. Schweizer | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 163901 | 394.557,19 | 71.574,33 ³⁾ |
| GABI-SEED II - Gerste als Modell- und Nutzpflanzen: Genexpression-Netzwerke zur Bestimmung nutzungsrelevanter Merkmale des Getreidesamens | Prof. U. Wobus Dr. W. Weschke Dr. M. Röder Dr. H.-P. Mock Dr. U. Seiffert Dr. H. Bäumlein | 01.07.2004 30.6.2007 | BMBF 175101 | 497.954,00 | 161.281,95 ³⁾ |
| Die Rolle von plastidären Metabolitranslokatoren für Speicherstoffsynthese und Assimilatverteilung in Leguminosensamen | Dr. H. Weber | 01.11.2004 14.01.2007 | DFG 205119 | 62.750,00 | 26.806,78 |
| Sameneigene Photosynthese und ihre Rolle bei der Speicherung von Reservestoffen | Dr. H. Rolletschek Dr. L. Borisjuk | 01.01.2005 28.02.2007 | DFG 205120 | 74.000,00 | 37.273,64 |
| Schwerpunktprogramm: Dynamik und Regulation des pflanzlichen Membrantransports; „Die Rolle von Membrantransportprozessen in der Samenentwicklung und Samenreifung von Leguminosen und Gerste“ | Dr. H. Weber Dr. W. Weschke | 01.08.2005 31.07.2007 | DFG 205121 | 65.000,00 | 29.591,73 |
| Rolle von Stickstoffmonoxid (NO) für die Regulation von Energie- und Speichermetabolismus in Samen | Dr. H. Rolletschek Dr. L. Borisjuk | 01.01.2006 29.02.2008 | DFG 205122 | 81.500,00 | 27.000,00 |
| 4D-Entwicklungsgradienten im Endosperm der Gerste: biologischer Nachweis, virtueller Rekonstruktion und Identifizierung von Regulatoren | Dr. W. Weschke Dr. L. Borisjuk Dr. U. Seiffert | 01.01.2006 30.04.2008 | DFG 205123 | 188.000,00 | 81.904,80 ³⁾ |
| Interaktion von ABC und Zuckersignaltransduktion in sich entwickelnden Erbsensamen | Dr. H. Weber Dr. I. Saalbach | 01.03.2006 28.02.2008 | DFG 205124 | 130.900,00 | 56.000,00 ³⁾ |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|--|--|--------------------------|--|--|-----------------------------------|
| New strategies to improve grain legumes for food and feed | Dr. H. Weber | 10.02.2004 09.02.2008 | EU 715100 | 160.665,13 | 52.125,87 |
| Supramolekulare Zellchemie | Prof. U. Wobus | 01.01.1998 30.06.2006 | Fonds der Chemischen Industrie 905101 | 4.586,51 | 310,85 |
| Comparative investigation of metabolic and physio- logical parameters of accumulation seeds | Dr. L. Borisjuk Dr. H. Rolletschek | 01.03.2006 28.02.2007 | 1010157 925101 | 60.152,40 | 30.076,20 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 2.473.272,44 | 729.728,01 |
| Arbeitsgruppe Genregulation | | | | | |
| Analyse gametophytischer Genexpression, Stipendiat D. Koszegi, Ungarn | Dr. H. Bäumlein Dr. M. Röder Prof. U. Wobus Dr. W. Weschke Dr. H.-P. Mock Dr. U. Seiffert | 01.01.2005 30.06.2007 | BMBF 175201 | 41.682,00 | 15.728,15 ³⁾ |
| GABI-Trilateral: Etablierung eines Netzwerkes sa- mensspezifischer Genexpression und Analyse seiner Biodiversität (ARABIDO-SEED) | Dr. H. Bäumlein Prof. I. Große Dr. U. Conrad Dr. L. Altschmied | 01.09.2004 31.08.2007 | BMBF 175202 | 105.500,00 | 29.338,51 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 147.182,00 | 45.066,66 |
| Arbeitsgruppe Phytoantikörper | | | | | |
| Produktion von Spinnenseidenproteinen in transgenen Pflanzen | Dr. U. Conrad | 01.06.2004 30.06.2006 | BMBF-55 % 115803 IPK - Anteil 45 % 115803 | 120.257,16 98.392,22 | 27.225,05 22.275,04 |
| GABI-Trilateral: Etablierung eines Netzwerkes samenspezifischer Genexpression und Analyse seiner Biodiversität (ARABIDO-SEED) | Dr. U. Conrad Dr. H. Bäumlein Prof. I. Große Dr. L. Altschmied | 01.09.2004 31.08.2007 | BMBF 175801 | 48.000,00 | 16.315,99 ³⁾ |
| Herstellung und mechanische Bewertung von Spinnenseidenproteinen aus transgenen Pflanzen | Dr. U. Conrad | 01.10.2003 30.09.2006 | MK LSA 305802 | 94.585,71 | 23.000,00 |
| Isolation, Charakterisierung und Produktion rekombinanter Antikörper gegen Transkriptions- faktoren aus Samen | Dr. U. Conrad | 01.01.2005 30.06.2006 | MK LSA 305803 | 30.000,00 | 8.557,21 |
| Biowissenschaften: Strukturen und Mechanis- men biologischer Informationsverarbeitung | Dr. U. Conrad | 01.10.2005 31.12.2008 | UNI Halle/MK LSA 325801 | 41.000,00 | 11.917,33 |
| Recombinant pharmaceuticals from plants for human health Pharma-Planta | Dr. U. Conrad | 01.02.2004 31.01.2007 | EU 715800 | 150.000,00 | 51.719,65 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 582.235,09 | 161.010,27 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|--|--|--------------------------|-------------------------------|--|-----------------------------------|
| Arbeitsgruppe Netzwerkanalyse (BIC-GH-Gruppe) | | | | | |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle Metabolische und regulatorische Netzwerke | Dr. F. Schreiber Dr. H.-P. Mock | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 165701 | 542.895,01 | 103.244,06 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 542.895,01 | 103.244,06 |
| Gesamtzuwendung Abt. Molekulare Genetik | | | | 3.745.584,54 | 1.039.049,00 |
| ABTEILUNG MOLEKULARE ZELLBIOLOGIE | | | | | |
| Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenphysiologie | | | | | |
| Biotechnologische Produktion von Betain und Mannitol in Zuckerrüben | Prof. U. Sonnewald Dr. F. Börnke | 01.04.2002 31.03.2006 | BMBF 116004 | 113.091,90 | 7.095,28 |
| Molekularbiologische und biochemische Charakterisierung pflanzlicher Hexokinasen in Tabak | Dr. M. Hajirezaei | 01.12.2006 30.11.2008 | DFG 206032 | 105.250,00 | 0,00 |
| Kassenübertrag | | | EU 706003 | | -16.766,43 |
| Kassenübertrag | | | DAAD 806008 | | -1.000,00 |
| Zuwendungen Arbeitsgruppe | | | | 218.341,90 | -10.671,15 |
| Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie | | | | | |
| 3-D-Mikrodissektion biologischer Objekte und Analyse schock-gefrorener molekularer Komponenten | Dr. A. Matros Dr. U. Seiffert Dr. W. Weschke | 01.07.2006 30.06.2009 | BMBF 106009 | 135.646,00 | 22.941,00 ³⁾ |
| Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle Metabolische und regulatorische Netzwerke | Dr. H.-P. Mock Dr. F. Schreiber | 01.05.2002 30.04.2007 | BMBF 165701 | 542.895,02 | 103.244,07 ³⁾ |
| GABI-SEED II - Gerste als Modell- und Nutzpflanzen: Genexpression-Netzwerke zur Bestimmung nutzungsrelevanter Merkmale des Getreidesamens | Dr. H.-P. Mock Dr. M. Röder Prof. U. Wobus Dr. W. Weschke Dr. U. Seiffert Dr. H. Bäumlein | 01.07.2004 30.6.2007 | BMBF 176001 | 261.409,00 | 80.703,85 ³⁾ |
| Biowissenschaften: Strukturen und Mechanismen biologischer Informationsverarbeitung | Dr. H.-P. Mock Dr. P. Schweizer | 01.10.2005 31.12.2008 | UNI Halle/MK LSA 326001 | 20.500,00 | 6.521,51 ³⁾ |
| FLORA Flavonoids and related phenolics for healthy living using orally recommended antioxidants | Dr. H.-P. Mock | 01.03.2005 28.02.2009 | EU 716003 | 321.000,00 | 52.297,78 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 1.281.450,02 | 265.708,21 |
| Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie | | | | | |
| Immunolokalisierung von Hipl-Superoxid Dismutase in Wildtyp und antisense Pflanzen des Pappelhybrids <i>Populus tremula</i> × <i>tremuloides</i> | Dr. M. Melzer | 15.03.2006 14.06.2006 | DFG 206027 | 7.100,00 | 7.100,00 |
| Projektbezogener Personalaustausch mit Schweden; Reaktive Sauerstoffspezies während der Zellwand- bindung: Proteomanalyse und zellbiologische Cha- rakterisierung | Dr. M. Melzer | 01.01.2006 31.12.2006 | DAAD 806012 | 2.133,00 | 2.133,00 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 9.233,00 | 9.233,00 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|------------------------------------|--------------------------|---|--|-----------------------------------|
| Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie | | | | | |
| Gezielte Erhöhung des Proteingehaltes in Futter- erbsen durch Veränderung pflanzeigener Gene | Dr. I. Saalbach Dr. H. Weber | 01.05.2004 30.06.2006 | BMBF-70 % 116006 | 38.824,35 | 8.876,25 ³⁾ |
| | | | IPK-Anteil-30 % 116006 | 16.639,01 | 3.804,11 ³⁾ |
| Entwicklung eines Verfahrens zur Herstellung von Doppelhaploiden bei Weizen | Dr. J. Kumlehn | 01.02.2005 30.09.2006 | BMBF-70 % 116008 | 168.267,12 | 93.723,25 |
| | | | IPK - 10 % 1010087- 10 % 1010110 - 10 % 116008 | 78.338,56 | 40.167,11 |
| Verbundvorhaben: Optimierung der biologischen Sicherheit transgener Pflanzen. Teilprojekt 4: Sele- ktionsmarkerfreie Getreidepflanzen durch andro- genetische Segregation ungekoppelter T-DNAs | Dr. J. Kumlehn | 01.04.2005 31.03.2008 | BMBF 126004 | 222.438,00 | 68.532,26 |
| Establishment of cell-specifically inducible expression systems in transgenics barley and maize, Teilprojekt B3 Forschergruppe: Mechanisms of compatibility: Reprogramming of plant | Dr. J. Kumlehn | 01.04.2006 17.04.2008 | DFG 206030 | 192.000,00 | 65.000,00 |
| Interaktion von ABC und Zuckersignaltrans- duktion in sich entwickelnden Erbsensamen | Dr. I. Saalbach Dr. H. Weber | 01.01.2006 28.02.2008 | DFG 206031 | 6.000,00 | 3.000,00 ³⁾ |
| BioExploit: Exploitation of natural plant biodiversity for the pesticide-free production of food | Dr. J. Kumlehn Dr. P. Schweizer | 01.10.2005 30.09.2010 | EU 716002 | 114.000,00 | 65.421,98 ³⁾ |
| VIGONI - Projektbezogener Personenaustausch mit Italien; Etablierung einer Methode zur Androgenese bei <i>Citrus</i> als exemplarisches Werkzeug für die Züchtung von Holzgewächsen | Dr. J. Kumlehn | 01.04.2005 31.12.2006 | DAAD 806010 | 4.147,99 | 2.201,00 |
| Forschungsstipendium B. Abera, Äthiopien | Dr. J. Kumlehn | 01.09.2005 28.02.2006 | DAAD 806011 | 6.759,00 | 1.928,00 |
| Stipendium D. Tolokontsev, Russland, Etablierung androgenetischer Pollenkulturen bei Kartoffeln | Dr. J. Kumlehn | 15.09.2006 15.12.2006 | DAAD 806013 | 3.350,00 | 3.350,00 |
| <i>Agrobacterium</i> -mediated transformation of isolated wheat zygotes | Dr. J. Kumlehn | 01.05.2003 30.04.2006 | 2000041 916015 | 420.665,75 | 43.461,10 |
| PRO-GABI: Ein Netzwerk zur Identifizierung, Charakterisierung und Optimierung neuer monokotylspezifischer Promotoren für die Herstellung pilzresistenten Weizens | Dr. J. Kumlehn | 01.07.2004 30.06.2007 | 1010124 916025 | 455.534,31 | 149.107,98 ³⁾ |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 1.726.964,09 | 548.573,04 |
| Arbeitsgruppe Hefegenetik | | | | | |
| Entwicklung eines enzymatischen Verfahrens zur Verbesserung von Ausbeute und Qualität bei der Biogaserzeugung aus pflanzlicher und tierischer Biomasse | Prof. G. Kunze | 01.07.2005 30.09.2006 | BMVEL 106501 | 75.585,58 | 45.606,02 |
| Joint Research Project "Characterization of osmoresistance of <i>A. adenivorans</i> " | Prof. G. Kunze | 01.07.2002 31.12.2006 | BMBF 106503 | 44.160,00 | 11.040,00 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|--|-------------------------------------|--------------------------|---|--|-----------------------------------|
| Entwicklung eines on-line Analysators zur Erfassung östrogenen Wirkungen mittels Hefezellen-Dickschicht-Sensor; Entwicklung und Herstellung der mikrobiellen Komponenten | Prof. G. Kunze | 01.09.2005 31.08.2007 | BMBF 106504 | 105.350,00 | 34.802,00 |
| Etablierung eines auf Hefezellen basierenden Assays zur Erfassung östrogenen Wirkungen im Rahmen der Umwelt-, Nahrungs- und Futtermittelanalytik | Prof. G. Kunze | 01.12.2006 31.12.2007 | MK LSA 306508 | 45.000,00 | 3.000,00 |
| Entwicklung von DNA-Sensoren zum Nachweis mykorrhizierter Pflanzen | Prof. G. Kunze | 01.01.2004 31.12.2006 | MW-LSA - 75 % 316501 1010145 - 25 % 316501 | 166.626,00 55.543,00 | 34.314,36 3.973,13 |
| Verbundprojekt-Optimierung von genetisch modifizierten Hefen als Produzenten von Polymeren aus nachwachsenden Rohstoffen | Prof. G. Kunze | 01.12.2004 31.12.2006 | MW-LSA 75 % 316502 1010145 - 25 % 316502 | 92.286,00 30.762,00 | 28.207,21 14.858,07 |
| Non-conventional yeasts as producers of new phytases, Projektbezogener Personenaustausch mit Indien | Prof. G. Kunze | 01.06.2004 31.05.2006 | DAAD 806501 | 7.714,54 | 85,35 |
| Wissenschaftliche Zusammenarbeit mit Neuseeland; Einsatz von mikrobiellen Biosensoren zur Messung von Schadstoffen | Prof. G. Kunze | 01.01.2005 31.12.2007 | DLR 906506 | 5.520,00 | 1.840,00 |
| Genexpression von Anthocyanasen in der nichtkonventionellen Hefe <i>Axula adenivorans</i> | Prof. G. Kunze | 01.01.2006 31.12.2008 | DBU 906509 | 4.200,00 | 1.400,00 |
| <i>Agrobacterium</i> -mediated transformation of isolated wheat zygotes | Prof. G. Kunze | 01.03.2006 29.02.2008 | D2000042 916504 | 139.956,00 | 52.387,20 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 772.703,12 | 231.513,34 |
| Sonstiges der Abt. Molekulare Zellbiologie | | | | | |
| Biotechnologische Produktion von Betain und Mannitol in Zuckerrüben | Dr. F. Börnke Prof. U. Sonnewald | 01.04.2002 31.03.2006 | BMBF 116007 | 103.964,67 | 10.896,28 |
| Zuwendung Arbeitsgruppe | | | | 103.964,67 | 10.896,28 |
| Gesamtzuwendung Abt. Molekulare Zellbiologie | | | | 4.112.656,80 | 1.055.252,72 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

| Wiss. Abteilung/Arbeitsgruppe Thema | Projekt- leiter | Beginn Ende | Drittm.geber IPK Proj.-Nr. | Zuwendungen Gesamt EUR (SOLL) | Einnahmen 2006 EUR (IST) |
|---|--------------------|--------------------------|--|--|-----------------------------------|
| ABTEILUNG VERWALTUNG UND ZENTRALE DIENSTE | | | | | |
| Aufbau einer bundeszentralen <i>ex situ</i> -Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen: Zusammenführung der Genbanken des IPK und der BAZ Braunschweig: AP1-IGat „Verwaltungsstelle 0,5“ | B. Eise | 01.02.2002 31.01.2006 | BMBF 137001 | 73.917,01 | 1.491,98 ³⁾ |
| Entwicklung und Umsetzung eines Verwertungskonzeptes zur Verbesserung der schutzrechtlichen Sicherung und Professionalisierung der Verwertung von Forschungsergebnissen am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben (IPK) | K. Menzel | 01.11.2005 31.10.2008 | BMBF/DLR 197900 | 194.880,00 | 64.947,50 |
| Ausbau der Spezialbibliothek | D. von Wangelin | 01.01.2004 31.12.2007 | DFG 207603 | 30.679,04 | 7.671,00 |
| Gesamtzufwendung Abt. VZD | | | | 299.476,05 | 74.110,48 |
| GESAMTZUFWENDUNG IM IPK | | | | 21.995.093,35 | 5.536.588,77 |
| Zuwendungen für Partner | | | | | |
| Pharmaceutical values of onions and related species <i>Allium</i> L. of Middle Asia and the Caucasus (PharmAll) | Dr. R. Fritsch | 01.01.2006 30.06.2007 | Volkswagen Stiftung 902302 | 45.900,00 | 24.720,00 |
| Collection, distribution, phenotyping and genotyping directed towards utilization of existing wheat genetics stocks to enhance tolerance/resistance of wheat cultivars to abiotic and biotic stresses | Dr. A. Börner | 17.11.2005 31.12.2007 | MEXICO IAS-CSIC Cordoba, Spanien ICG Novosibirsk, Russland 921201 | 4.279,00 | 2.139,50 |
| Profood "Improved antioxidant content for food applications" | Prof. U. Sonnewald | 01.12.2001 28.02.2005 | EU 706003 | 1.605.659,00 | 442.973,70 |
| GABI-Trilateral: Vergleichende Genomforschung zur Regulation der Meristemaktivität bei Nachtschattengewächsen (Solanaceae) – (Genosome) – Teilprojekt 1 | Dr. U. Scholz | 01.09.2004 31.08.2007 | BMBF 176006 | 106.720,00 | 50.000,00 ³⁾ |
| Zuwendungen für Partner | | | | 1.762.558,00 | 519.833,20 |
| GESAMTZUFWENDUNGEN: | | | | 23.757.651,35 | 6.056.421,97 |

³⁾ Die Projektbearbeitung erfolgt durch mehrere Wissenschaftler aus verschiedenen Arbeitsgruppen und Abteilungen

Gremien und Mitarbeiter/-innen in speziellen Funktionen/ Boards of the IPK and Employees in Special Functions

Der **Stiftungsrat** überwacht die Geschäftsführung des Direktoriums, überprüft die Wirtschaftsführung, genehmigt die Jahresrechnung und erteilt Entlastung für das jeweils abgelaufene Haushaltsjahr.

Mitglieder des Stiftungsrates im Jahr 2006:

MinDirig Dr. Joachim Welz, MK LSA, Magdeburg (Vorsitz),

MinRat Dr. Jürgen Roemer-Mähler, BMBF, Bonn (stellv. Vorsitz),

MinRat Thomas Reitmann, MK LSA, Magdeburg,

MinDirig Dr. Manfred Lückemeyer, BMVEL, Bonn (bis September 2006),

Martin Köhler, BMELV, Bonn (ab Oktober 2006)

Prof. Dr. Wilfried Grecksch, bis August 2006 Rektor der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg,

Prof. Dr. Eberhard Schäfer, Freiburg,

Prof. Dr. Joachim Kadereit, Mainz.

Das **Direktorium** ist ein Kollegialorgan, zusammengesetzt aus den Leitern der wissenschaftlichen Abteilungen und dem Administrativen Leiter. Der Stiftungsrat bestellt einen der wissenschaftlichen Abteilungsleiter für fünf Jahre zum Geschäftsführenden Direktor. Dieser bildet gemeinsam mit dem Administrativen Leiter die Geschäftsführung, die die Stiftung nach Maßgabe der Geschäftsordnung gerichtlich und außergerichtlich vertritt.

Das Direktorium im Jahr 2006:

Prof. Dr. Ulrich Wobus, Geschäftsführender Direktor und Leiter der Abteilung Molekulare Genetik,

Bernd Eise, Administrativer Leiter und Leiter der Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste,

Prof. Dr. Andreas Graner, Leiter der Abteilung Genbank,

Prof. Dr. Ingo Schubert, Leiter der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse,

Prof. Dr. Gotthard Kunze, komm. Leiter der Abteilung Molekulare 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 im Jahr 2006:

Prof. Dr. Eberhard Schäfer, Freiburg, (Vorsitz),

Prof. Dr. Joachim Kadereit, Mainz, (stellv. Vorsitz),

Dr. Reinhard von Broock, Bergen, (Vorsitz Genbankbeirat),

Prof. Dr. Thomas Dandekar, Würzburg,

Prof. Dr. Ulf-Ingo Flügge, Köln,

Prof. Dr. Ueli Grobniklaus, Zürich,

Prof. Dr. Barbara Hohn, Basel,

Prof. Dr. Thomas Kühne, Quedlinburg,

Prof. Dr. Dierk Scheel, Halle/S.,

Dr. Ralf-Michael Schmidt, Ludwigshafen,

Prof. Dr. Dieter Schweizer, Wien.

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 im Jahr 2006:

Dr. Reinhard von Broock, Bergen, (Vorsitz),

PD Dr. Christiane Gebhardt, Köln, (stellv. Vorsitz),

Dr. Jan Engels, Rom,

Dir. und Prof. Lothar Frese, Braunschweig,

Dr. Theo J. L. van Hintum, Wageningen,

Prof. Dr. W. Eberhard Weber, Halle/S.

Mitglieder des IPK-Personalrates im Jahr 2006:

Bernhard Claus (Vorsitzender),
Thomas Kruse (1. Stellvertreter),
Birgit Schäfer (2. Stellvertreterin),
Dagmar Böhmert,
Kathrin Gramel-Eikenroth,
Sibylle Pistrick,
Ute Riedel,
Evelyn Willner, Genbank-Außenstelle „Nord“, Malchow,
Dr. Hardy Rolletschek (Ersatzmitglied),
Frank Schröter (Ersatzmitglied).

Mitarbeiter/-innen des IPK in speziellen Funktionen im Jahr 2006:

Dr. Ulrike Lohwasser (Qualitätsmanagement-Beauftragte),
Thomas Lüttge (Qualitäts-Beauftragter für die Abteilung VZD),
Dr. Winfriede Weschke und **Dr. Gerhard Steinborn**
(Bauftragte für Biologische Sicherheit),
Dr. Hans-Peter Mock (Strahlenschutzbeauftragter sowie
Beauftragter für Betäubungsmittel und Gefahrstoffe),
Dr. Helmut Bäumlein (Ombudsmann),
Dr. Reinhard Fritsch (Beauftragter für Datenschutz),
Ellen Weiß (Gleichstellungsbeauftragte),
Hans-Jürgen Winkelmann (Fachkraft für Arbeitssicherheit),
Wolfgang Schmidt (Beauftragter für Abfallbeseitigung und
Schwerbehindertenbeauftragter),
Peter Schreiber (Beauftragter für Havarie- und
Katastrophenschutz),
Carmen Höpfner (Beauftragte für Lehrausbildung).

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)

Corrensstraße 3
D-06466 Gatersleben
Telefon: 03 94 82 / 5-0
Telefax: 03 94 82 / 5-139
E-Mail: info@ipk-gatersleben.de
Internet: http://www.ipk-gatersleben.de

Stand: 31. Dezember 2006



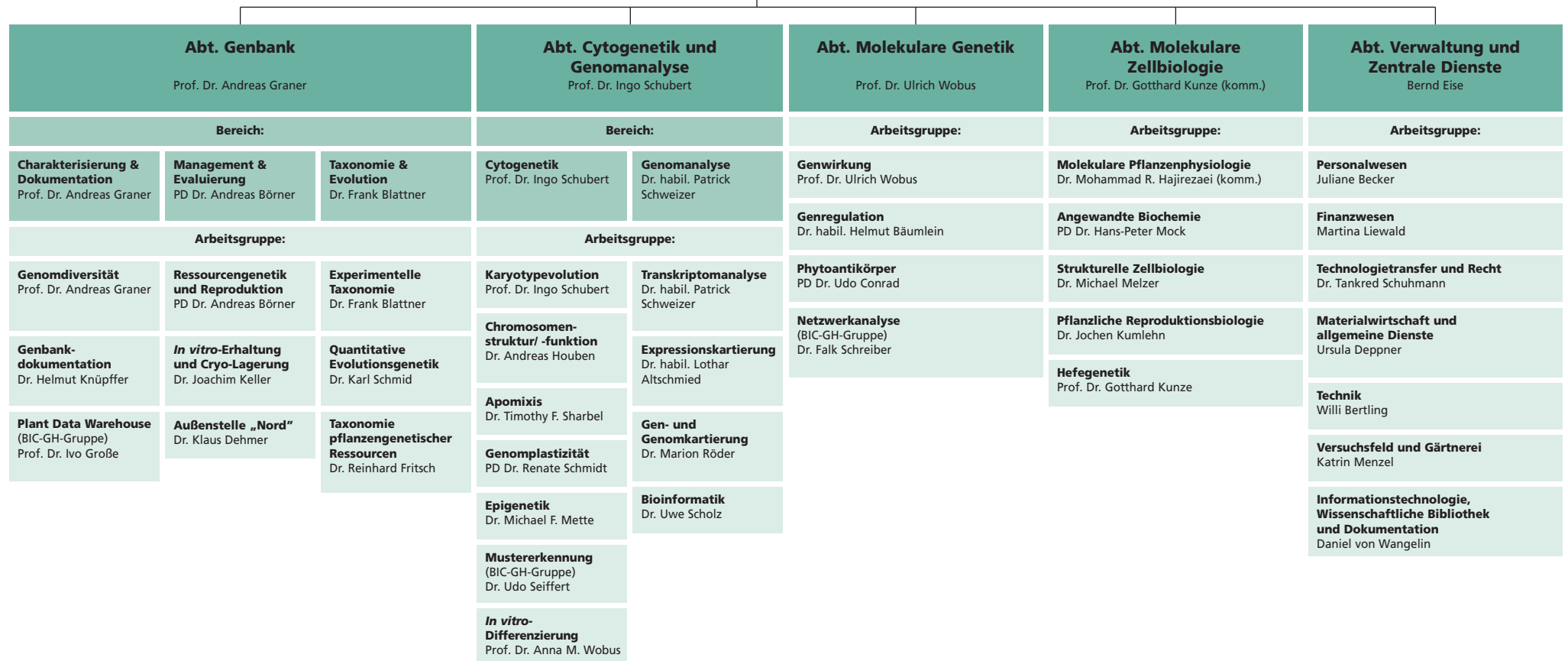
Stiftungsrat
Vorsitzender:
MinDirig Dr. Joachim Welz
Stellv. Vorsitzender:
MinRat Dr. Jürgen Roemer-Mähler

Direktorium
Prof. Dr. Ulrich Wobus¹⁾
Geschäftsführender Direktor
Bernd Eise¹⁾
Administrativer Leiter
Prof. Dr. Andreas Graner
Prof. Dr. Ingo Schubert
Prof. Dr. Gotthard Kunze (komm.)

Wissenschaftlicher Beirat
Vorsitzender:
Prof. Dr. Eberhard Schäfer
Genbank-Beirat
Vorsitzender:
Dr. Reinhard von Broock

Personalrat
Vorsitzender:
Bernhard Claus

Geschäftsstelle
Wissenschaftsorganisation
und Öffentlichkeitsarbeit
Waltraud Mühlenberg



Pflanzengenom-Ressourcen-Centrum (PGRC)
Bioinformatik-Centrum Gatersleben-Halle (BIC-GH)

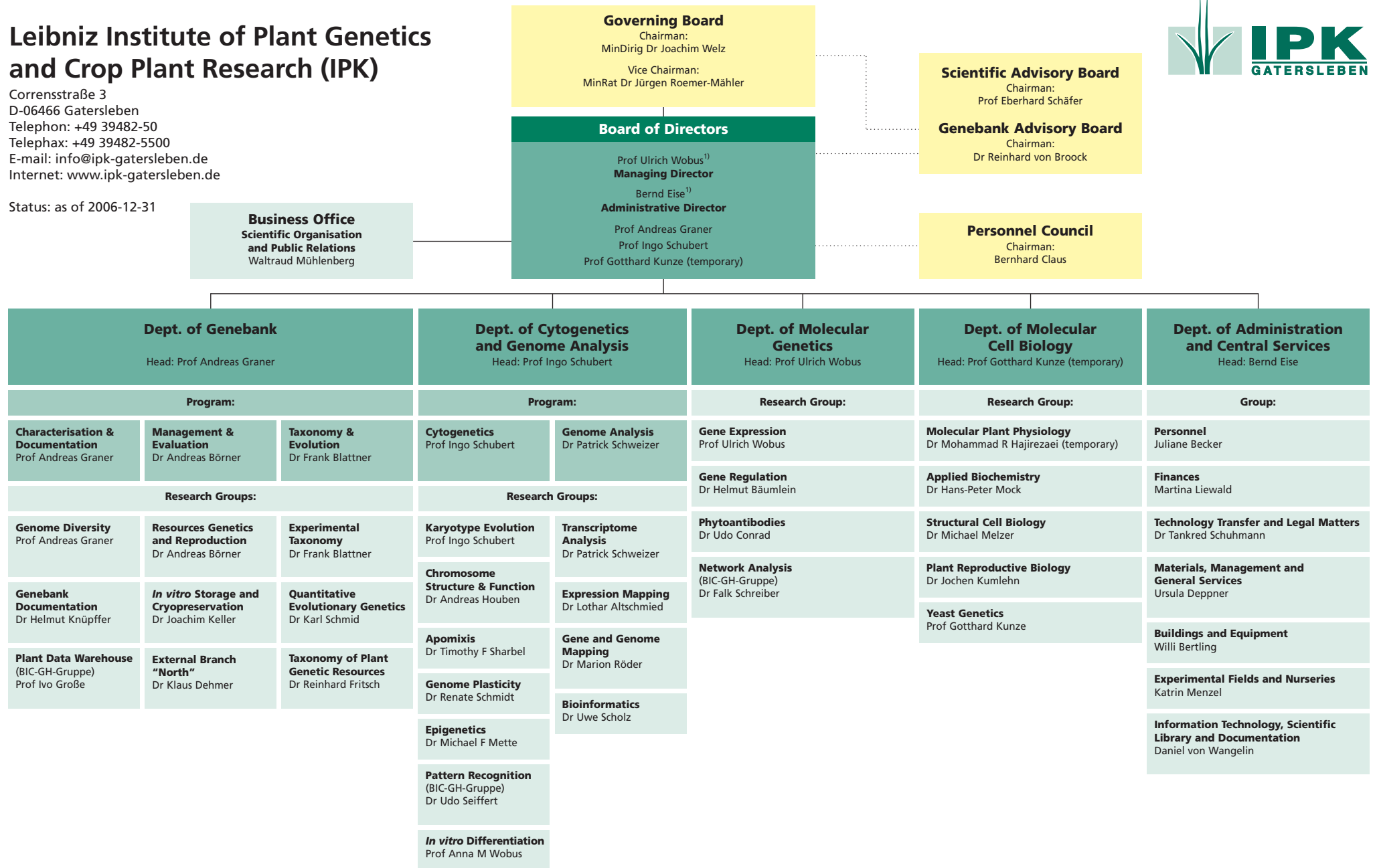
Koordinator: Dr. habil. Patrick Schweizer
Koordinator: Prof. Dr. Stefan Posch/Universität Halle-Wittenberg

¹⁾ Geschäftsführung

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

Corrensstraße 3
D-06466 Gatersleben
Telephon: +49 39482-50
Telephax: +49 39482-5500
E-mail: info@ipk-gatersleben.de
Internet: www.ipk-gatersleben.de

Status: as of 2006-12-31



Plant Genome Resources Centre (PGRC)
Bioinformatics Centre Gatersleben-Halle (BIC-GH)

Coordination: Dr Patrick Schweizer
Coordination: Prof Stefan Posch/University of Halle-Wittenberg

¹⁾ Management