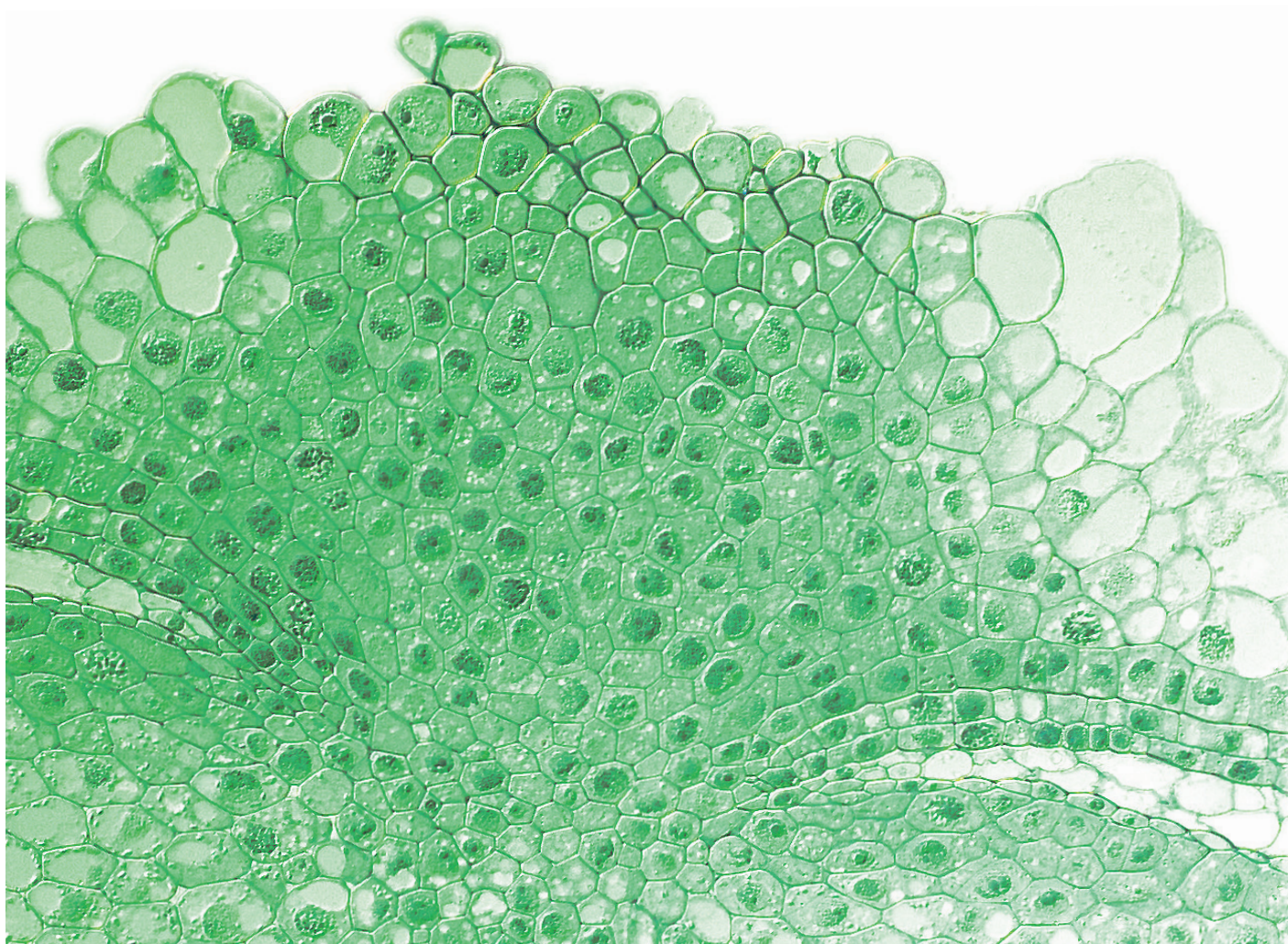

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK)
Leibniz Institute of Plant Genetics and
Crop Plant Research (IPK)

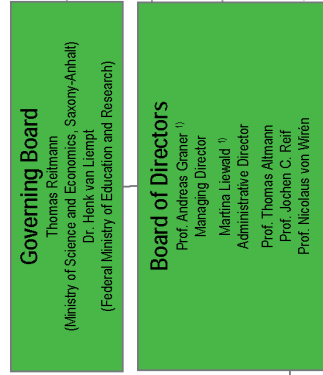
FORSCHUNGSBERICHT 2014 | 2015 **SCIENTIFIC REPORT 2014 | 2015**



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

Corrensstrasse 3
06466 Stedt Seeland/OT Gatersleben
GERMANY
Tel.: +49 (0)39482 50
Fax: +49 (0)39482 5139
E-Mail: info@ipk-gatersleben.de
Internet: www.ipk-gatersleben.de

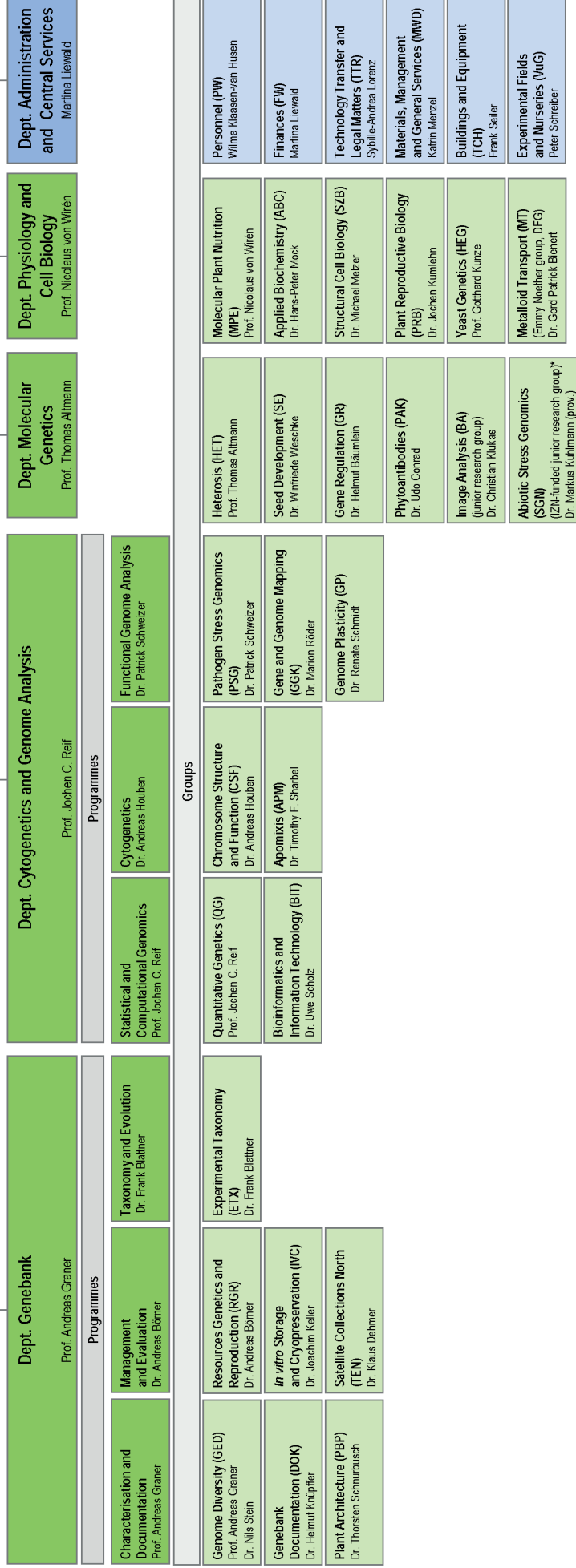
As of 1 January 2014



Scientific Advisory Board
Chair:
Prof. Christian Jung

Genebank Advisory Board
Chair:
Prof. Frank Ordon

Staff Council
Chair: Thomas Kruse



¹⁾ Management
• Interdisciplinary Centre for Crop Plant Research
at Martin Luther University Halle-Wittenberg

Plant Genome Resources Centre (PGRC)
Coordinator: Dr. Patrick Schweizer
Bioinformatics
Coordinator: N. N.

FORSCHUNGSBERICHT 2014 | 2015
SCIENTIFIC REPORT 2014 | 2015

Impressum

Herausgeber:

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)

Corrensstraße 3

D-06466 Seeland/OT Gatersleben

Tel.: +49 (0)39482-50

Fax: +49 (0)39482-5500

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

Geschäftsführender Direktor: Prof. Dr. Andreas Graner

Administrativer Leiter: Dr. Johannes Heilmann

Redaktion: Dr. Sabine Odparlik, Geschäftsstelle des Direktoriums

Layout/Satz: Regina Devrient und Anne Meseke, Geschäftsstelle des Direktoriums

Druck: Koch-Druck, Halberstadt

Umschlag Foto: Zelluläre Struktur Gerstenkorn unter dem Lichtmikroskop/

Cellular structure of barley grain under a light microscope (Dr. Michael Melzer)

Stand: Mai 2016

Inhaltsverzeichnis/Contents

Organigramm 2014/ Organisation of the Institute 2014	U2	Research Group Plant Reproductive Biology	88
Vorwort/Preface	7	Research Group Yeast Genetics	90
Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung/The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research	10	Research Group Metalloid Transport	92
Das Institut in den Jahren 2014 und 2015/ The Institute during 2014 and 2015	14	Independent Heisenberg Research Group Plant Architecture....	94
Verwaltung und Infrastruktur/Administration and Infrastructure		Independent Research Group Domestication Genomics	96
Personal	24	Independent Junior Research Group Abiotic Stress Genomics ...	98
Finanzierung / Budget	25	Bioinformatics at the IPK	100
Drittmittel 2014/2015	26	IPK PostDoc Board	102
Technologietransfer 2014/2015	27	PhD Program and the Leibniz Graduate School Gatersleben & Student Board	103
Versuchsfeld und Gärtnerei	28	Appendix	
Informationstechnologie	28	Publikationen/Publications	104
Wissenschaftliche Bibliothek	29	Kolloquien, Seminare/Colloquia and Seminars	
Forschungsberichte der Abteilungen/Research Reports of the Departments		Gatersleben Lectures	132
Abteilung Genbank/Department of Genebank	30	Abteilungs-Seminare/Seminars of the Departments	
Research Group Genome Diversity	34	Vavilov-Seminare/Vavilov Seminars	132
Research Group Genebank Documentation	36	Vavilov-Vortragsabende/Vavilov Lectures	133
Research Group Resources Genetics and Reproduction	38	Genetische Seminare/Genetics Seminars	133
Research Group In vitro Storage and Cryopreservation	40	Zellbiologische Seminare/Cell Biology Seminars	134
Research Group Satellite Collections North	42	Waterman-Seminare/Waterman Seminars	135
Research Group Experimental Taxonomy	44	Vorträge/Lectures	
Abteilung Züchtungsforschung/ Department of Breeding Research	46	Eingeladene Vorträge auf internationalen Tagungen (Auswahl)/ Invited Lectures at International Conferences (Selection)	135
Research Group Quantitative Genetics	50	Weitere Vorträge/Other Lectures	138
Project Group Karyotype Evolution	52	Datenbanken und Web-Informationssysteme/ Databases and Web Information Systems	149
Research Group Bioinformatics and Information Technology	54	Vom Institut organisierte Tagungen und Veranstaltungen/ Meetings and Conferences organised by IPK	151
Research Group Chromosome Structure and Function	56	Beteiligung an der Organisation externer Veranstaltungen/ Participation in Organising External Meetings	152
Research Group Apomixis	58	Berufungen, Ehrungen, Preise/ Appointments, Honours, Awards	153
Research Group Pathogen-Stress Genomics	60	Arbeitsaufenthalte von Gästen im IPK/ Guest Researchers at the IPK	153
Research Group Gene and Genome Mapping	62	Arbeitsaufenthalte von Wissenschaftlern in anderen Einrichtungen/ Work Stays of IPK Researchers at other Institutes	159
Research Group Genome Plasticity	64	Lehrtätigkeit/Teaching	161
Abteilung Molekulare Genetik/ Department of Molecular Genetics	66	Mitarbeit an wissenschaftlichen Zeitschriften/ Editing Scientific Journals	164
Research Group Heterosis	70	Tätigkeit in Gremien/Activities in Boards	165
Research Group Seed Development	72	Öffentlichkeitsarbeit/Public Relations	166
Research Group Gene Regulation	74	Informationsveranstaltungen und Führungen/ Informative Events and Guided Tours	167
Research Group Phytoantibodies	76	Pressemitteilungen/Press Releases	173
Research Group Image Analysis	78	Beiträge in der Presse und den Medien/ Contributions in Press and Media	173
Abteilung Physiologie & Zellbiologie/ Department Physiology & Cell Biology	80	Messen und Ausstellungen/Fairs and Exhibitions	175
Research Group Molecular Plant Nutrition	82	Gremien und Mitarbeiter/-innen in speziellen Funktionen/ Boards of the IPK and Employees in Special Functions	176
Research Group Applied Biochemistry	84	Organigramm 2015/ Organisation of the Institute 2015	U3
Research Group Structural Cell Biology	86		

Vorwort

Vor 150 Jahren stellte der Augustinermönch Gregor Mendel im Rahmen eines Vortrags im *Naturforschenden Verein* in Brunn die Ergebnisse seiner Forschungsarbeiten zur Vererbungsanalyse vor. Ein Jahr später, 1866, erschien die Publikation *Versuche über Pflanzen-Hybriden*, mit der er das historische Fundament für die Genetik als biologische Fachdisziplin gelegt hatte. Fortschritte in der Genetik beflügelten im 20. Jahrhundert die Entwicklung leistungsfähiger Populations-, Linien- und Hybridsorten und sicherten die Ernährung der Weltbevölkerung, die seit Mitte des 19. Jahrhunderts von 1,3 Milliarden auf 7,3 Milliarden Menschen im Jahr 2015 angewachsen ist.

Auch wenn der Höhepunkt des weltweiten Bevölkerungswachstums im Jahr 1963 mittlerweile überschritten ist, stellt der derzeitige Anstieg von 1,13 % p. a. eine große Herausforderung für die Sicherung der Nahrungsmittelversorgung in den kommenden Jahrzehnten dar. Eine weitere Steigerung der Flächenerträge ist unumgänglich. Gleichzeitig verstärkt sich die Konkurrenz um landwirtschaftliche Flächen für die Produktion von nachwachsenden Rohstoffen bzw. der Verlust landwirtschaftlicher Flächen durch Bodendegradation, Urbanisierung und Industrialisierung. Der Einsatz von Dünger und Pflanzenschutzmitteln wird im Zuge zunehmender Umweltauflagen zurückgehen und moderne Sorten müssen den vielfältigen Auswirkungen des Klimawandels standhalten. Die Entwicklung neuer, leistungsfähiger Nutzpflanzen erfordert Innovationen in zwei Bereichen. Verbesserungen im Hinblick auf Ertrag, Stresstoleranz oder Nährstoffeffizienz erfordern ein tiefgreifendes Verständnis der molekularen Prozesse, die zur Ausprägung pflanzlicher Leistungsmerkmale beitragen. Die weitere Optimierung der Zuchtmethodik ermöglicht eine effizientere Selektion der gewünschten Eigenschaften sowie verkürzte Entwicklungszyklen.

Den genannten Herausforderungen begegnet das IPK mit einem Forschungsprogramm, in welchem wissenschaftliche Exzellenz und gesellschaftliche Relevanz konvergieren. Die Grundlage hierfür stellen fünf Forschungsschwerpunkte dar, welche innovationsgetriebene Themenfelder abdecken und innerhalb derer Fragestellungen bearbeitet werden, die sich von der Grundlagenforschung bis hin zu angewandten Themen erstrecken. Wissenschaftliche Exzellenz erfordert die besten Köpfe. Mit der Etablierung unabhängiger Forschergruppen hat das Institut im Jahr 2014 die Möglichkeiten für die Erschließung neuer Forschungsthemen sowie die Förderung talentierter Nachwuchswissenschaftler geschaffen. Als äußeres Zeichen der gestiegenen Anwendungsrelevanz der Forschungsarbeiten entstand im Zuge einer Neuausrichtung aus der ehemaligen Abteilung *Cytogenetik und Genomanalyse*



Fig. 1 Prof. Dr. Andreas Graner
 Geschäftsführender Direktor

Preface

In the course of a lecture given 150 years ago at the *Naturforschender Verein* (Natural Research Society) in Brno, the Augustinian monk Gregor Mendel presented the results of his investigations of inheritance. A year later, in 1866, he published his paper *Versuche über Pflanzen-Hybriden* (Experiments using plant hybrids), which is regarded as the birth of genetics as a biological discipline. Progress in the field of genetics over the previous century has helped to develop productive crop plant populations, lines and hybrids; these have served to assure the food security of a global population which has risen from 1.3 billion in the mid 19th century to 7.3 billion today.

Although the peak rate of world population growth passed in 1963, the present rate of 1.13% per annum represents a continuing challenge to ensuring a secure supply of food in the coming decades. What is unavoidable is the need to increase

lyse die Abteilung *Züchtungsforschung*. Diese stellt einen Schmelztiegel für die Entwicklung neuer Züchtungskonzepte und verbesserter Zuchtverfahren dar und fungiert als wichtiges Bindeglied zu den drei anderen Abteilungen.

Wissenschaftliche Exzellenz erfordert die Bereitstellung einer herausragenden technischen Infrastruktur. Hier wurden in den vergangenen Jahren mit Hilfe des Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und weiterer Zuwendungsgeber große Anstrengungen zum weiteren Ausbau der Phänotypisierungsplattformen unternommen. Mit der in 2016 vorgesehenen Fertigstellung der Pflanzenkulturhalle wird das IPK über eine weltweit einzigartige Infrastrukturplattform für die Phänotypisierung von Pflanzen von der Wurzel bis zur Sprossspitze verfügen. Ähnliches trifft für molekulare Phänotypisierung mit Hilfe tomografischer Methoden sowie durch Erfassung primärer und sekundärer Metaboliten zu. Die Nutzung dieser Infrastrukturen erfolgt u. a. zur Aufklärung der Heterosis und der Samenentwicklung bei Getreide, Ölpflanzen und Leguminosen.

Moderne Landwirtschaft wäre ohne die Verwendung von Dünger und Pflanzenschutzmitteln nicht denkbar. Allerdings belastet deren Anwendung zunehmend unsere Umwelt und führt zur Eutrophierung von Gewässern, zur Verstärkung des Treibhauseffekts und im Fall von Pflanzenschutzmitteln zur Beeinträchtigung der biologischen Vielfalt. Forscherinnen und Forscher am IPK leisteten durch Aufklärung der Nähr- und Mineralstoffaufnahme sowie der Transportmechanismen innerhalb der Pflanze wichtige Beiträge zur zukünftigen Verbesserung der Umweltverträglichkeit und der Nachhaltigkeit von Anbausystemen und landwirtschaftlichen Produktionsketten. Gleiches gilt für die Aufklärung der Resistenzen gegen Krankheiten und Schädlinge.

Sämtliche Merkmale und Eigenschaften einer Pflanze sind in ihrer Erbsubstanz hinterlegt. Eine entscheidende Voraussetzung für den wissenschaftlichen Fortschritt ist die Verfügbarkeit von DNA-Sequenzinformation. Hier hat das IPK in den vergangenen Jahren entscheidend zur Sequenzierung der Genome von Gerste, Weizen, Roggen und Raps mitgewirkt. Die Verfügbarkeit qualitativ hochwertiger Referenzsequenzen und die systematische Erfassung phänotypischer Daten wird die Entwicklung der *bundeszentralen ex situ-Genbank* zu einem biologisch-digitalen Ressourcenzentrum ermöglichen und damit die züchterische Nutzbarmachung der genetischen Diversität in den kommenden Jahren beschleunigen.

Gregor Mendel konnte selbst die Früchte seiner Arbeit nicht mehr erleben. Seine Entdeckung geriet für 30 Jahre in Vergessenheit. Derartiges wird sich angesichts der heutigen Kommunikationsmöglichkeiten sicherlich nicht mehr wiederholen. Die Menschheit könnte es sich auch nicht mehr leisten, der Preis

the per hectare crop yield, while at the same time addressing both the growing competition for arable land in order to produce renewable raw materials, and the loss of arable land due to soil degradation, urbanization and industrialization. The use of fertilizers and pesticides will have to be curtailed to meet with ever stricter environmental controls, and modern varieties will have to be capable of tolerating the varied impacts of climate change. The development of new, productive crops will require innovation in two fields: firstly, an improvement with respect to their yield, stress tolerance and nutrient use efficiency, which implies a thorough understanding of the molecular processes underpinning the traits which define productivity; and secondly, an optimization of breeding methodology to enable a more efficient selection of desirable characteristics and a shortening of the crop growing cycle.

The IPK is responding to the above challenges in the form of a research programme which combines scientific excellence with social relevance. The five research priorities which form its basis cover innovation-driven issues, and pursue questions addressed by approaches which stretch from the very basic all the way to the highly applied. Scientific excellence requires top brains. By its establishment in 2014 of a number of independent research groups, the Institute has put in place the facilities needed to develop novel research topics and to promote talented young researchers. To signal the increased importance of applied research, the *Breeding Research Department* has been formed to replace the erstwhile *Cytogenetics and Genome Analysis Department*. This department represents a melting pot for the development of novel breeding concepts and enhanced breeding methods, and forms a hub to link the three other research departments.

Achieving scientific excellence requires an outstanding technical infrastructure. Over the past few years, with the help of the Federal Ministry of Education and Research (BMBF) and other funding bodies, a major effort has been undertaken to expand our phenotyping platform. The completion in 2016 of a new building to handle plants will provide the IPK with a platform (unmatched elsewhere) devoted to the phenotyping of plants from the root to the shoot apex. In a similar vein, molecular phenotyping has also been developed, specifically by deploying tomography and by characterizing the constituents of the plant primary and secondary metabolism. These facilities should throw light on the basis of heterosis and will allow for detailed studies of seed development in the cereals, oilseed plants and legumes.

Modern agriculture without fertilizers and pesticides is hardly imaginable, although their use can have negative environmental consequences. Use of the former is associated with ground water eutrophication and a contribution to the green-

für 30 Jahre Stillstand wäre dramatisch. Heute ist es eher ablehnende Haltung gegenüber der grünen Gentechnik, die uns in Europa daran hindert, das volle Potenzial der Zusammenführung von moderner Genetik und Molekularbiologie auszunutzen.

Gentechnik, *Genome Editing* und die Nutzbarmachung der in Genbanken bewahrten genetischen Vielfalt stellen keinen Widerspruch dar. Das IPK sieht sich in der Verantwortung die Potenziale der Pflanzenbiotechnologie zu erforschen und blickt gemeinsam mit den Zuwendungsgebern auf zwei Jahre sehr erfolgreicher Arbeit zurück. Einzelheiten hierzu finden Sie in den nachfolgenden Kapiteln des Forschungsberichtes verbunden mit der Hoffnung, dass viele der hier beschriebenen Forschungsergebnisse Beiträge zur zukünftigen Verbesserung unserer Kulturpflanzen und zum Aufbau einer leistungsfähigen Bioökonomie liefern werden.

Andreas Graner
Geschäftsführender Direktor/IPK

house effect; while for the latter, there are clear risks of a negative impact on biodiversity. By elucidating how plants take up nutrients and minerals and then transport them internally, IPK researchers have made significant contributions to reducing the environmental cost and bolstering the sustainability of cropping systems and the agricultural production chain. The same applies to their investigations into the mechanisms underlying resistance against diseases and pests.

All of a plant's characteristics and features are stored in their genetic material. The availability of DNA sequence has become an essential component of scientific advance. Over recent years, the IPK has made decisive contributions to the acquisition of the genome sequences of barley, wheat, rye and oilseed rape. The availability of high quality reference sequences and the systematic recording of phenotypic data will underpin the development of the *Federal ex situ Genebank* into a biological and digital repository, well positioned to accelerate the utilisation of genetic diversity in breeding in the years to come.

Gregor Mendel did not live to reap the fruits of his labors. His discoveries fell into oblivion over the next 30 years. This will not happen again, thanks to modern modes of communication. Mankind cannot again afford a 30 year period of stagnation, the price of which would be dramatic. Today, however, in Europe, there is a brake on exploiting the potential of modern genetics and molecular biology, driven mainly by a negative attitude towards green genetic engineering.

Genetic engineering and genome editing is not incompatible with utilising the natural genetic diversity preserved in gene banks. The IPK regards it as one of its responsibilities to explore the potential of green genetic engineering, and with the help of its funding bodies, can look back over two years of very successful research. Details are given in the chapters which follow. We hope that many of the research outcomes mentioned therein will contribute to future crop improvement and to the development of a viable bioeconomy.

Andreas Graner
Managing Director/IPK

Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)/ The Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)



Fig. 2 Der Leibniz-Präsident Prof. Dr. Matthias Kleiner mit der Stellvertretenden Leiterin der Leibniz-Abteilung Forschung Dr. Britta Horstmann und dem Direktorium des IPK anlässlich ihres IPK Besuchs am 30. April 2015 (v.l.n.r.: Dr. Britta Horstmann, Dr. Johannes Heilmann, Prof. Dr. Thomas Altmann, Prof. Dr. Matthias Kleiner, Prof. Dr. Andreas Graner, Prof. Dr. Jochen C. Reif, Prof. Dr. Nicolaus von Wirén).

The president of the Leibniz Association Prof. Dr. Matthias Kleiner with the Deputy Head of Leibniz Research Division Dr. Britta Horstmann and the Board of Directors on the occasion of their IPK visit on April 30th, 2015 (f.l.t.r.: Dr. Britta Horstmann, Dr. Johannes Heilmann, Prof. Dr. Thomas Altmann, Prof. Dr. Matthias Kleiner, Prof. Dr. Andreas Graner, Prof. Dr. Jochen C. Reif, Prof. Dr. Nicolaus von Wirén).

Aufgabenstellung

Als eine der international führenden Einrichtungen auf den Gebieten der Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung trägt das Institut mit seinen Forschungsarbeiten und dem Betrieb der *bundeszentralen ex situ-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen* in großem Maße zum Erhalt der biologischen Vielfalt und zu ihrer Nutzbarmachung bei. Mit der Zusammenführung von wissenschaftlicher Exzellenz und gesellschaftlicher Relevanz sieht sich das IPK als Katalysator für einen gesellschaftlichen Wandlungsprozess, der auf eine effiziente und nachhaltige Nahrungs-, Energie- und Rohstoffversorgung abzielt und damit zur Bewältigung globaler umweltbezogener Zukunftsaufgaben beiträgt. Basierend auf der Aufklärung grundlegender Prinzipien der pflanzlichen Merkmalsausprägungen und der Vielfalt evolutionärer Anpassungen erfolgt die Entwicklung innovativer Lösungsansätze zur züchterischen Verbesserung von Kulturpflanzen. Damit leistet das Institut wissenschaftliche Beiträge zum Erreichen der in der *Nationalen Forschungsstrategie BioÖkonomie 2030* aufgeführten Ziele (https://www.bmbf.de/pub/Nationale_Forschungsstrategie_Bioökonomie_2030.pdf).

Finanzierung

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

Stiftungsorgane, Funktionsträger und Organisationsstruktur des IPK

Organe der Stiftung sind der **Stiftungsrat**, das **Direktorium**, die **Geschäftsführung** und der **Wissenschaftliche Beirat**.

Mandate

As one of the world's leading international institutions in the field of plant genetics and crop science, the institute's research programme, along with its curation of the *Federal ex situ Genebank for Agricultural and Horticultural Crop Species*, makes a significant contribution to the conservation and utilisation of biological diversity. By combining scientific excellence with social relevance, the IPK sees itself as catalyst for societal change in the direction of increasing the efficiency and sustainability of the supply of food, energy and raw materials, thereby addressing future global challenges related to the environment. Strategies are being developed relevant to the genetic improvement of crop plants via breeding, based on trait analysis and an understanding of naturally evolved adaptation. In this way, the institute seeks to make knowledge-based contributions to the wider goals specified by the *BioEconomy 2030 National Research Strategy* (https://www.bmbf.de/pub/Nationale_Forschungsstrategie_Bioökonomie_2030.pdf).

Financial Arrangements

Representing the successor to several erstwhile institutions, the IPK was established in 1992 as a foundation under public law, and is a member of the Leibniz Association. In accordance with Article 91b of the German Constitution and the *Blue List* funding model, it attracts matching funds from the Federal Republic of Germany and the local Federal State (as well as a share in regional funding). The granting body is the State of Saxony-Anhalt, represented by its Minister for Science and Economy. A significant proportion of the staffing and research budget is covered by outside funding.

Administrative bodies, decision makers and the organizational structure of the IPK

The institute is overseen by the **Governing Board**, the **Board of Directors**, the **Management Office** and the **Scientific Advisory Board**. The **Gene Bank Advisory Board** provides advice with respect to matters of specific concern to the Gene Bank.

Für die speziellen Belange der Genbank steht dem wissenschaftlichen Beirat der **Genbank-Beirat** zur Seite.

Struktur

Das IPK ist in die vier wissenschaftlichen **Abteilungen** *Genbank* (GB), *Züchtungsforschung* (BR), *Molekulare Genetik* (MOG), *Physiologie und Zellbiologie* (PZB) und die Abteilung *Verwaltung und Zentrale Dienste* (VZD) gegliedert. Die einzelnen Abteilungen untergliedern sich wiederum in Forschungsbereiche und Arbeitsgruppen (vgl. Organigramm, innere Umschlagseite).

Zur Erschließung neuer, innovativer Forschungsfelder etablierte das Institut im Berichtszeitraum drei unabhängige Arbeitsgruppen. Mit dieser Erweiterung der Forschungsstruktur wurde auch eine wichtige Grundlage für die Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses gelegt.

Am IPK sind regelmäßig über 450 Personen aus ca. 30 Nationen beschäftigt.

Forschungskonzept

Die strategische und inhaltliche Ausrichtung der Forschungsarbeiten am Institut wird in einer jährlich aktualisierten Programmplanung festgelegt. Die vier Programme sind abteilungsorientiert und spiegeln in wesentlichen Zügen die sich komplementierenden zentralen Arbeitsfelder und Kompetenzen wider:

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

Durch Vernetzung der über weite Strecken disziplinär ausgerichteten Programme erfolgt die Bearbeitung von fünf abteilungs- und disziplinübergreifenden Forschungsschwerpunkten (Abb. 3). Diese liefern wissenschaftliche Erkenntnisse sowie biotechnische und züchterische Innovationen, welche substanziell zur Bewältigung drängender globaler umweltbezogener Zukunftsaufgaben beitragen. Die entsprechenden Forschungsaktivitäten erstrecken sich dabei von der reinen Grundlagenforschung bis hin zur angewandten Fragenstellung im Vorfeld der Pflanzenzüchtung bzw. Biotechnologie. Vor dem Hintergrund der in der Genbank erhaltenen Kulturpflanzenvielfalt konzentrieren sich die Forschungsarbeiten in erster Linie auf landwirtschaftlich bedeutsame Pflanzenarten. Hierbei finden in zunehmendem Umfang auch Wildformen und Wildarten zur Erschließung genetischer Variation Berücksichtigung. Ergänzend hierzu werden ausgewählte Forschungsthemen zur angewandten Biotechnologie an Hefe bearbeitet.

Organizational Structure

The IPK is organised into the four scientific departments *Gene Bank* (GB), *Breeding Research* (BR), *Molecular Genetics* (MOG) and *Physiology and Cell Biology* (PZB), all of which are supported by the department *Administrative and Central Services* (VZD). Each department pursues a number of research areas and has formed several working groups (see the organizational chart on the inside front cover).

Three independent research groups have been established during the reporting period, aiming to open up novel, innovative research topics. Through this extension in its research structure, the institute has created an important stepping stone to support the scientific careers of a number of young researchers.

The IPK consistently employs over 450 staff, originating from more than 30 countries.

Overall Research Concept

An annual planning exercise is conducted to determine and refine the institute's strategy and research programme. The four programmes map on to the departments, essentially mirroring each of the centre's research mandates and reflecting the departmental competencies:

1. **Management, analysis and evolution of plant genetic resources** (*Gene Bank*)
2. **Cellular and molecular genomic analysis** (*Breeding Research*)
3. **Molecular and developmental physiology** (*Molecular Genetics*)
4. **Applied physiology and cell biology** (*Physiology and Cell Biology*)

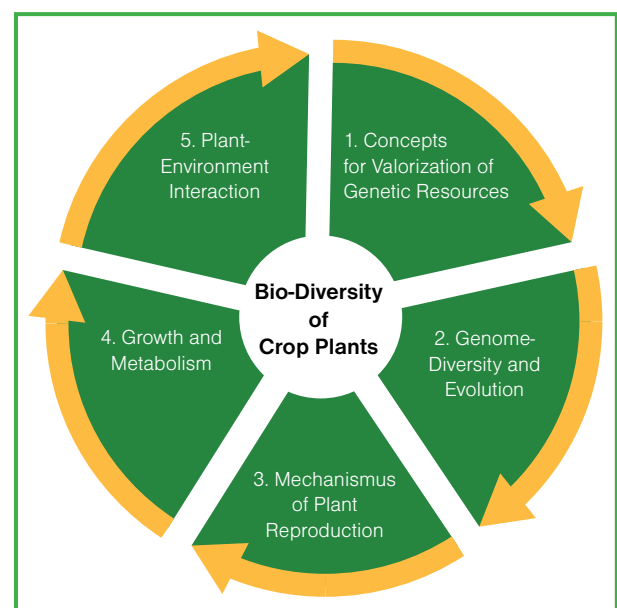


Fig. 3 Abteilungsübergreifende Forschungsschwerpunkte/ Transdepartmental research foci

Integrative Strukturen und Netzwerke

Das IPK verfügt mit seiner **Bioinformatik-Plattform** über eine koordinative Struktur, in der alle in den verschiedenen Abteilungen angesiedelten Bioinformatik-Gruppen miteinander vernetzt sind. Sie dient zum einen als Plattform für die Bereitstellung bedarfsorientierter interner Dienstleistungen sowie dem Betrieb und der Pflege von Datenbanken, und zum anderen erfolgt die systematische Weiterentwicklung der technisch-wissenschaftlichen IT-Infrastruktur.

Daneben ist das Institut in über die Projektförderung hinaus gehende nationale und internationale Forschungskooperationen eingebunden. Diese dienen der Entwicklung und Förderung langfristiger Kooperationsprojekte, der Einwerbung von Projektmitteln und der Gewinnung von wissenschaftlichem Nachwuchs. Gegenwärtig ist das IPK maßgeblich an folgenden Konsortien beteiligt:

- Das 2003 gegründete *BarleyGenomeNet* (BGN) ist ein Zusammenschluss von neun Forschungseinrichtungen aus fünf europäischen Ländern, welche sich schwerpunktmäßig mit der Genomanalyse bei Gerste befassen (<http://pgrc.ipk-gatersleben.de/barleynet/>).
- Das *International Barley Sequencing Consortium* (IBSC) wurde im Dezember 2006 gegründet und umfasst 10 Mitgliedsinstitutionen aus acht Ländern. Das Ziel ist die Entwicklung einer Referenzsequenz des Gerstengenoms und die Bearbeitung daraus abgeleiteter Fragestellungen (<http://barleygenome.org>).
- Das *International Wheat Sequencing Consortium* (IWGSC) ist ein internationaler Zusammenschluss von mehr als 1.100 Mitgliedern aus 55 Ländern. Zusammen streben sie die Erarbeitung einer Referenzsequenz des Brotweizengenoms an (<http://www.wheatgenome.org/>).
- Der im Jahr 2011 gegründete *Leibniz WissenschaftsCampus für Pflanzenbasierte Bioökonomie Halle* (WCH) ist ein Forschungsverbund der Leibniz-Institute in Halle und Gatersleben mit der Martin-Luther-Universität (MLU) (<http://www.sciencecampus-halle.de/>). Gemeinsam mit weiteren assoziierten Forschungseinrichtungen bietet der Campus eine Plattform für die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen Wirtschafts-, Lebens- und Naturwissenschaften in Forschung und Lehre.
- Innerhalb der Leibniz-Gemeinschaft ist das IPK über Forschungsverbünde themenspezifisch vernetzt (<http://www.leibniz-gemeinschaft.de/forschung/leibniz-forschungsverbuende/>):
 - Im *Leibniz-Forschungsverbund Biodiversität* werden gemeinsam mit 21 weiteren Leibniz-Einrichtungen Lösungsansätze erarbeitet, um die Erhaltung und Nutzung der biologischen Vielfalt mit konkurrierenden Zielen der Klima-, Energie-, Landwirtschafts- und Wirtschaftspolitik in Einklang zu bringen.
 - Im *Leibniz-Forschungsverbund Nachhaltige Lebensmittelproduktion und gesunde Ernährung* arbeitet

The largely discipline-oriented programmes address current biological topics in the form of five overarching inter-departmental and inter-disciplinary projects (Fig. 3). They have been generating novel scientific insights, as well as making progress with respect to various biotechnology and genetics issues; together they contribute materially to overcoming a number of global challenges related to the environment. The corresponding research activities address both basic and applied issues relevant to breeding and biotechnology.

Given the Gene Bank's focus on crop plants, its research activity is focussed strongly on the major agricultural plant species. However, increasing importance is also being given to exploiting the genetic diversity present in wild forms and wild relatives. Selected applied biotechnology research topics have taken advantage of yeast-based systems.

Integrated structures and networks

The IPK's **Bioinformatics Platform** consists of a distributed, co-ordinated network of bioinformatics staff housed within each of the scientific departments. It serves as a platform for the provision of services to the scientific staff on a demand basis. It both operates and manages a number of databases and works to systematically improve the quality of the institute's scientific and technical IT infrastructure.

In addition, the institute is tied into a number of both national and international research collaborations, which help to develop and promote long-term collaborative projects, to win project funding and to develop the careers of young researchers. Currently the IPK has a major involvement in the following consortia:

- The *BarleyGenomeNet* (BGN) (<http://pgrc.ipk-gatersleben.de/barleynet/>), founded in 2003, links nine research institutions across five European countries, all focusing on the analysis of the barley genome.
- The *International Barley Sequencing Consortium* (IBSC) (<http://barleygenome.org>), founded in December 2006, involves ten member institutions in eight countries. Its objective is to develop a reference sequence of the barley genome and to investigate issues arising from this.
- The *International Wheat Sequencing Consortium* (IWGSC) (<http://www.wheatgenome.org/>) is an international association boasting over 1,100 members from 55 countries. The aim is to develop a reference sequence of the bread wheat genome.
- The *Leibniz ScienceCampus for the Plant-based Bioeconomy Halle* (WHC) (<http://www.sciencecampus-halle.de>), founded in 2011, is a joint enterprise of the Leibniz institutes at Halle and Gatersleben and Martin Luther University. In collaboration with other associated research institutions, the campus provides a research and teaching platform which promotes interdisciplinary teamwork in the fields of economics, and the life and natural sciences.

das IPK zusammen mit 15 weiteren Leibniz-Einrichtungen an Fragestellungen, die nachhaltige Lebensmittelproduktion und gesunde Ernährung auf allen Systemebenen betreffen und der Gesellschaft wissenschaftlich begründete Handlungsempfehlungen liefern.

- Das *Interdisziplinäre Zentrum für Nutzpflanzenforschung* (IZN) ist ein Forschungsverbund von agrar- und biowissenschaftlichen Arbeitsgruppen der Martin-Luther-Universität und außeruniversitärer Forschungseinrichtungen des Landes Sachsen-Anhalt. Seit 2010 bündelt das IZN die in der Region entwickelten beachtlichen Ressourcen von Agrar- und molekularen Biowissenschaften (<http://www.uni-halle.de/izn/>).
- Ziel des 2012 gegründeten *Deutsche Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung* (iDiv) ist es, die biologische Vielfalt in ihrer Komplexität zu erfassen, wissenschaftliche Daten auf globaler Ebene bereitzustellen bzw. zu nutzen und für Entscheidungsträger tragbare Strategien, Lösungen und Nutzungskonzepte zu entwickeln, um den weiteren Verlust an Biodiversität zu stoppen. Das IPK unterstützt die Forschungsarbeiten durch eine mit iDiv assoziierte Nachwuchsgruppe (<https://www.idiv.de/>).
- Das *Deutsche Pflanzen-Phänotypisierungs-Netzwerk* (DPPN) verfolgt an drei Standorten die Erfassung der quantitativen Biologie von Struktur und Funktion von Pflanzen in Abhängigkeit von Entwicklung und Umwelt. Das Projekt fußt auf der Zusammenarbeit des Forschungszentrums Jülich (Koordinator), Helmholtz Zentrum München und des IPK Gatersleben (http://www.dppn.de/dppn/DE/Home/home_node.html).

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

- Within the Leibniz Association, the IPK is thematically linked with a number of research consortia (<http://www.leibniz-gemeinschaft.de/forschung/leibniz-forschungsverbuende/>).
- The *Leibniz Research Alliance for Biodiversity* (<http://www.leibniz-gemeinschaft.de/en/research/leibniz-research-alliances/biodiversity/>) programme is a collaboration involving 21 other Leibniz institutions, tasked with developing approaches which address the conservation and use of biological diversity consistent with competing political goals set by the climate, energy, agriculture and the economy sectors.
- Through the *Leibniz Research Alliance for Sustainable Food Production and Healthy Nutrition* (<http://www.leibniz-gemeinschaft.de/en/research/leibniz-research-alliances/food-production-and-nutrition/>), the IPK, in collaboration with 15 other Leibniz institutions, aims to establish a systems-orientated basis to address the complex, multi-layered interdisciplinary challenge *Sustainable Food Production and Healthy Nutrition*, and to provide society at large with a set of scientifically rational and systematically audited recommendations for action.
- The *Interdisciplinary Centre for Crop Research* (IZN) (<http://www.uni-halle.de/izn/>) is a research network of agronomic and biological research groups, with partners in the Martin Luther University and various non-university research institutions in Saxony-Anhalt. The IZN was set up in 2010 to pool the region's considerable resources in agronomic and molecular biology research.
- The *German Centre for Integrative Biodiversity Research* (iDiv) (<https://www.idiv.de/>), founded in 2012, aims to understand the complexity of biological diversity, to provide and exploit data at a global level, and to develop sustainable strategies, solutions and utilisation concepts to allow decision-makers to intervene in stemming biodiversity loss. A junior research group within the IPK, associated with iDiv, supports the relevant research activities.
- The *German Plant Phenotyping Network* (DPPN) (http://www.dppn.de/dppn/DE/Home/home_node.html) assesses quantitative aspects of plant architecture and function which are dependent on development and the environment. The infrastructure and scientific basis for this research has been established at three locations (Jülich Research Centre, the Helmholtz Zentrum in Munich and at IPK). The network is coordinated by the Jülich Research Centre, with each partner providing a complementary focus (http://www.dppn.de/dppn/DE/Home/home_node.html).

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

Das Institut in den Jahren 2014 und 2015/The Institute during 2014 and 2015

Die vergangenen zwei Jahre standen im Zeichen der kontinuierlichen Weiterentwicklung des Forschungsprogramms und der wissenschaftlich-technischen Infrastruktur des Instituts. Sichtbares Ergebnis dieser Aktivitäten ist die Formulierung von fünf Forschungsschwerpunkten, in welchen wissenschaftliche Exzellenz und gesellschaftliche Relevanz zusammengeführt werden, um innovative Lösungsansätze für Zukunftsfragen zu finden. Der eingeschlagene Weg war durch eine Reihe herausragender Forschungsergebnisse, umfangreiche Drittmittelerwerbung sowie eine Vielzahl von Kooperationen auf nationaler und internationaler Ebene gekennzeichnet. Nachfolgende Abschnitte sollen dem Leser einen Überblick zu den wichtigsten Entwicklungen am IPK vermitteln. Weitere Informationen zu den Forschungsarbeiten sind den Berichten der Abteilungen und der einzelnen Arbeitsgruppen zu entnehmen.

Organisatorische und personelle Veränderungen

Im Herbst 2014 wurde die Neustrukturierung der Bioinformatik eingeleitet, wodurch eine engere Zusammenarbeit mit den experimentellen Arbeitsgruppen sowie eine gezielte Weiterentwicklung der bioinformatischen Forschungsschwerpunkte am IPK gefördert werden sollen. Das Ergebnis dieser Umstrukturierung ist die Untergliederung der Bioinformatik in die zwei Bereiche, *Biodiversitätsinformatik* (Koordinator: Dr. Uwe Scholz) und *Systemanalyse und Modellierung* (Koordinatorin: Dr. Andrea Bräutigam). Damit verbunden ist die Gründung der Arbeitsgruppe *Netzwerkanalyse und Modellierung*.

Dr. Johannes Heilmann wurde zum 1. Januar 2015 durch den Stiftungsrat zum Administrativen Leiter und damit auch zum Mitglied der Geschäftsführung bestellt. Herr Dr. Heilmann übernahm gleichzeitig die Leitung der Abteilung *Verwaltung und Zentrale Dienste*. Er tritt damit die Nachfolge von Martina Liewald an, die vom 1. Juli bis zum 31. Dezember 2014 die kommissarische Leitung innehatte.

Zum 1. Januar 2015 wurde die Abteilung *Cytogenetik und Genomanalyse* (CYT) aufgrund der inhaltlichen Neuausrichtung in *Züchtungsforschung* (BR, engl. *Breeding Research*) umbenannt. Damit wird der vermehrten Bearbeitung von züchtungsbezogenen Fragestellungen Rechnung getragen, die von der Quantitativen Genetik und Genomik über Fortpflanzungsbiologie bis hin zur Bioinformatik reichen.

Eine wichtige Erweiterung der wissenschaftlichen Organisationsstruktur erfolgte mit der Etablierung von drei unabhängigen Arbeitsgruppen zum 1. Januar 2015 (Leiter: Dr. Thorsten Schnurbusch, Dr. Martin Mascher, Dr. Markus Kuhlmann). Ziel dieser Maßnahme ist zum einen die Erschließung neuer,

The past two years have seen continuous developments in the Institute's research programme, as well as in its scientific and technical infrastructure. The result has been the definition of its five research priorities. These aim to combine scientific excellence with social relevance, with a view to creating innovative solutions to future-related issues. The reporting period has featured a series of outstanding research achievements, the acquisition of major external funding, and the formation of many national and international collaborations. What follows is an overview of the major developments at the IPK; more detailed information is presented in the individual reports of the various departments and working groups.

Organizational and staff changes

In the autumn of 2014, restructuring of the Bioinformatics research group was initiated, in order to promote more intimate collaborations with the laboratory-based research groups, and to realign research priorities in bioinformatics. As a result, two new units were created, namely *Biodiversity Informatics* (coordinator: Dr Uwe Scholz) and *System Analysis and Modelling* (coordinator: Dr Andrea Bräutigam). At the same time, the new research group *Network Analysis and Modelling* was established.

On 1 January 2015, the Governing Board appointed Dr Johannes Heilmann as the Head of the department *Administrative and Central Services*, replacing Martina Liewald, who acted as provisional head of department from 1 July to 31 December 2014. Dr Heilmann thereby became a member of the Board of Directors.

Following the significant realignment of the erstwhile *Cytogenetics and Genome Analysis* (CYT) Department, the new department has been renamed, as of 1 January 2015, as the *Breeding Research* (BR) Department. This change acknowledges the increasing volume of plant breeding research being conducted, ranging from quantitative genetics and genomics, through reproductive biology to bioinformatics.

A significant expansion of the scientific organizational structure was achieved by the establishment of three independent research groups, starting 1 January 2015; these were headed by Dr Thorsten Schnurbusch, Martin Mascher and Markus Kuhlmann. This measure was taken to promote activity in various promising new research areas, and at the same time to support selected young researchers to gain an international reputation.

vielversprechender Forschungsgebiete und zum anderen die Unterstützung junger Forscher auf dem Weg zur Gewinnung internationaler Sichtbarkeit.

Zum 1. September übernahm Dr. Nils Stein die Leitung der neu gegründeten Arbeitsgruppe *Genomik Genetischer Ressourcen* (GGR) und des damit verbundenen Sequenzierlabors, welches als institutsweite Serviceplattform betrieben wird.

Ende 2015 gingen mit Frau Dr. Winfriede Weschke und Dr. Joachim Keller zwei Arbeitsgruppenleiter in den Ruhestand, die mit dem Institut jeweils über mehrere Jahrzehnte verbunden waren.

Die Arbeitsgruppen *Hybridweizen* (Leiter: Dr. Mario Gils) und *Pflanzenbioinformatik* (Leiter: Prof. Dr. Falk Schreiber) wurden im Jahr 2014 geschlossen.

Entwicklungen von zentraler Bedeutung

(1) Drittmittel:

Die Einwerbung von Drittmitteln stellt eine wichtige Grundlage für die Umsetzung des Forschungsprogramms dar. Mit 11,37 Mio. (2014) bzw. 11,2 Mio. (2015) befinden sich die Drittmitteleinnahmen weiterhin auf einem hohen Niveau. Wie in den vergangenen Jahren war das BMBF mit den im Jahr 2015 auslaufenden Förderprogrammen zur angewandten Pflanzenforschung *Plant2030* der größte öffentliche Drittmittelgeber, gefolgt von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG), Vorhaben zur Auftragsforschung sowie Fördermitteln aus der Europäischen Union (EU). Das IPK beteiligte sich auch im Berichtszeitraum erfolgreich an der Einwerbung von Projektmitteln aus dem Leibniz-internen Wettbewerbsverfahren *Pakt für Forschung und Innovation*. Im Jahr 2014 wurden 1,8 Mio. für das am IPK koordinierte Projekt *BRIDGE: Biodiversity informatics to bridge the gap from genome information to educated utilisation of genetic diversity hosted in Gene Banks* eingeworben. Darüber hinaus war und ist das Institut als Partner an weiteren Pakt-Projekten beteiligt.

(2) Ausbau der Pflanzenphänotypisierungsinfrastruktur und -netzwerke:

Im Rahmen des durch das BMBF seit 2013 über einen Zeitraum von fünf Jahren geförderte *Deutsche Pflanzen Phänotypisierungsnetzwerk* (DPPN) begann das IPK gemeinsam mit dem Forschungszentrum Jülich und dem Helmholtz Zentrum in München den Aufbau von Technologieplattformen zur Vermessung von Pflanzen im Labor, Gewächshaus und Feld mit Hilfe modernster, nicht invasiver Verfahren. Am 12. Sep-

On 1 September 2015, Dr Nils Stein was appointed as head of the newly founded research group *Genomics of Genetic Resources* (GGR) and of the joint sequencing laboratory, a cross-departmental service platform.

At the end of 2015, two working group heads, namely Dr Winfriede Weschke and Joachim Keller retired. Both had been associated with the Institute for several decades.

The research groups *Hybrid Wheat* (head: Dr Mario Gils) and *Plant Bioinformatics* (head: Prof Dr Falk Schreiber) were closed during 2014.

Key developments

(1) External funding

Outside funds have made a vital contribution towards the implementation of the research programme. Their level remains high, amounting to €1.37M in 2014 and €1.2M in 2015. As in previous years, the BMFB – through its plant research programme *Plant2030*, which terminated at the end of 2015 – has been the largest single provider, followed by the Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG), various research contracts and funds won from the European Union (EU).

During the reporting period, the IPK participated successfully in the Leibniz internal competition process *Pact for Research and Innovation*, resulting in a €0.8M grant to coordinate the *BRIDGE project (Biodiversity informatics to bridge the gap from genome information to educated utilisation of genetic diversity hosted in Gene Banks)*. The Institute was also involved in a number of other *Pact for Research and Innovation* projects.

(2) Expansion of the Plant Phenotyping Infrastructure and Network

The IPK, in collaboration with the Jülich Research Centre and the Helmholtz Zentrum in Munich has been establishing the technology platforms required for measuring plants in the laboratory, greenhouse or field, using state-of-the-art non-invasive procedures, in order to put into place the *German Plant Phenotyping Network* (DPPN), funded since 2013 by BMBF. A topping out ceremony of the phytotron (ground area: 1,000 m²) was celebrated by the project partners and representatives of the funding bodies on 12 September 2014. The construction of this new building is a key step, not only marking the further expansion of IPK's ultra-modern research infrastructure, but also the establishment of the German and European and (as of the end of 2015) *International Plant Phenotyping Network* (DPPN/ EPPN/ IPPN). Thus, the most important provisions are now in place to allow for leading edge investigations to be

tember 2014 wurde, gemeinsam mit den Projektpartnern und Vertretern der Zuwendungsgeber, das Richtfest für eine 1000 m² große Phytotron-Halle gefeiert. Die Errichtung dieses neuen Gebäudes ist ein wichtiger Schritt, nicht nur für den weiteren Ausbau der hochmodernen Forschungsinfrastruktur des IPK, sondern auch für den Aufbau des Deutschen, des Europäischen und des Ende 2015 ins Leben gerufenen *Internationalen Pflanzen Phänotypisierungs-Netzwerks* (DPPN/EPPN/IPPN). Damit wurden wichtige Voraussetzungen für die Etablierung und Nutzung neuester Untersuchungsverfahren und die Umsetzung neuer Konzepte in der grundlagen- und anwendungsorientierten Pflanzenforschung geschaffen.

(3) Wissenschaftlicher Nachwuchs, Publikationen

Im Zuge der Ausbildung von wissenschaftlichem Nachwuchs wurden im Berichtszeitraum 32 Bachelor- und 20 Masterarbeiten sowie 29 Dissertationen abgeschlossen.

Das hohe Niveau und Renommee der Forschungsarbeiten und die internationale Sichtbarkeit spiegeln sich wie in den vergangenen Jahren in vielen hochrangigen Publikationen in internationalen Fachzeitschriften wider. Insgesamt wurden in den Jahren 2014 und 2015 327 Artikel in referierten Fachzeitschriften veröffentlicht. Hinzu kommen 84 Publikationen, die als Buchbeiträge erschienen sind. Wissenschaftler des IPK hielten über 475 Vorträge auf nationalen und internationalen Tagungen sowie Seminarveranstaltungen und Workshops.

(4) Preise, Auszeichnungen, Rufe

Im Jahr 2014 wurde Dr. Thorsten Schnurbusch von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) mit einem Heisenberg-Stipendium ausgezeichnet. Ende 2015 unterstrich er die Exzellenz seiner Forschungsarbeiten mit der Einwerbung eines *European Research Council* (ERC) *Consolidator Grants*. Damit zählt das IPK zu den ersten Forschungseinrichtungen in Sachsen-Anhalt, in denen die Einwerbung eines ERC Grants gelungen ist.

Im September 2014 wurde PD Dr. Andreas Börner vom Rektor der Universität Lublin (Polen) für seine Verdienste im Rahmen der Zusammenarbeit mit dem IPK mit der *Medal for Research Cooperation with the Faculty of Agrobioengineering* geehrt.

Am 14. Oktober 2014 erreichte das Team um Steven Dreissig aus der Forschergruppe *Chromosomenstruktur und -funktion* im Rahmen des Ideenwettbewerbs *Scidea 2014* für ihre Arbeiten zum Thema *Genomweites Single Pollen Genotyping* einen zweiten Platz in der Kategorie Dienstleistung. Mit dem Preis werden Forschungsergebnisse aus den Hochschulen und Forschungseinrichtungen des Landes Sachsen-Anhalt prämiert, welche die Grundlage für die Entwicklung innovati-

conducted and novel concepts to be tested in both basic and applied research fields related to crop science.

(3) Young Researchers and Publications

As part of the training of young researchers, 32 BSc and 20 MSc theses have been completed, as well as 29 PhD dissertations. As in preceding years, the high level and reputation of the Institute's research and its international visibility have been strengthened by the publication of many high quality papers in international scientific journals. During 2014 and 2015, a total of 327 papers involving IPK-based authors appeared in peer-reviewed academic journals, along with 84 book chapters. IPK scientists have given more than 475 lectures at national and international meetings, seminars and workshops.

(4) Prizes, Awards, Appointments

In 2014, Dr Thorsten Schnurbusch was awarded a Heisenberg Fellowship by the DFG. At the end of 2015, he underlined the excellence of his research by winning a *European Research Council* (ERC) *Consolidator Grant*, making IPK one of Saxony-Anhalt's first research institutions to have won such a prestigious award.

In September 2014, PD Dr Andreas Börner was honoured by the award of a *Medal for Research Cooperation with the Faculty of Agrobioengineering* given by the Rector of the University of Lublin (Poland) in acknowledgement of long term cooperation with the IPK.

On 14 October 2014, Steven Dreissig and the *Chromosome Structure and Function* research group was awarded second place (category services) in the *Scidea 2014* competition for their work on genome-wide single pollen cell genotyping. This prize rewards research emerging from universities and research centres within Saxony-Anhalt, and aims to foster the development of innovative products and services, thereby providing an important impetus to the local economy and society.

In autumn 2015, Dr Martin Mascher, Head of the independent junior research group *Domestication Genomics* was nominated for the Leibniz Association Prize for Young Academics for his outstanding PhD thesis.

Offers of professorship to Universities at home and abroad were accepted by the following IPK researchers :

- Dr Bernhard Bauer (Physiology and Cellular Biology) was appointed as a W2 Professor in Plant Production and Crop Protection at Weihenstephan-Triesdorf University of Applied Sciences in 2014.

ver Produkte und Dienstleistungen darstellen und damit wichtige Akzente für Wirtschaft und Gesellschaft setzen.

Der Leiter der unabhängigen Nachwuchsgruppe *Domestikationsgenomik*, Dr. Martin Mascher, wurde für seine herausragenden Promotionsleistungen im Herbst 2015 für den Leibniz-Nachwuchspreis nominiert.

Folgende Wissenschaftler des IPK erhielten Rufe an Hochschulen und Universitäten im In- und Ausland sowie außerplanmäßige Professuren:

- Dr. Bernhard Bauer (*Physiologie und Zellbiologie*) wurde im Jahr 2014 auf eine Professur (W2) für Pflanzenbau und Pflanzenschutz an die Hochschule Weihenstephan-Triesdorf berufen.
- Dr. Timothy Sharbel (*Züchtungsforschung*) erhielt im Jahr 2015 einen Ruf als *Research Chair in Seed Biology* an die University of Saskatchewan (Kanada).
- Dr. Nils Stein (*Genbank*) wurde im Juni 2015 zum *Adjunct Professor* im Fachbereich Pflanzenbiologie an der University of Western Australia ernannt. Im gleichen Jahr erhielt er einen Ruf (W3) an die Heinrich Heine Universität in Düsseldorf (abgelehnt).
- Ebenfalls im Jahr 2015 wurde Herr Dr. Udo Conrad (*Molekulare Genetik*) zum außerplanmäßigen Professor an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg ernannt.

(5) Das IPK wird Koordinator des German Crop Bioinformatics Network:

Seit März 2015 koordiniert das IPK das *German Crop Bioinformatics Network* (GCBN) im *Deutschen Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur* (de.NBI). Dieses Netzwerk dient der kontinuierlichen Weiterentwicklung und Bereitstellung bioinformatischer Software-Lösungen und Dienstleistungen für pflanzenspezifische Fragestellungen. Daneben sollen Standards für die Datenspeicherung und die Datenanalyse, das Datenmanagement und den Datenaustausch etabliert werden.

(6) Die Arbeit der Gremien

Die Aufgabe des Wissenschaftlichen Beirats besteht in der Beratung des Direktoriums und des Stiftungsrates in wissenschaftlichen und technischen Fragen. Der Genbank-Beirat steht dem Wissenschaftlichen Beirat als Beratungsgremium für Genbank-spezifische Fragen zur Seite. Beide Gremien treffen sich jährlich anlässlich des Institutstages zur Begutachtung der Arbeiten am IPK. Im Jahr 2014 (8.-10. Oktober) befasste sich der Wissenschaftliche Beirat mit den Abteilungen *Genbank* sowie *Cytogenetik und Genomanalyse* (ab 1. Januar 2015 *Züchtungsforschung*). Im Jahr 2015 (14.–16. Oktober) wurden die Forschungsarbeiten in den

- Dr Timothy Sharbel (Breeding Research) was appointed as Research Chair in Seed Biology at the University of Saskatchewan (Canada) in 2015.
- Dr Nils Stein (Gene Bank) was appointed Adjunct Professor in the Faculty of Plant Biology at the University of Western Australia in June 2015. In the same year he declined an appointment to a W3 professorship at Heinrich Heine University Düsseldorf.
- Dr Udo Conrad (Molecular Genetics) was appointed Adjunct Professor at Martin Luther University Halle in 2015.

(5) IPK as the coordinator of the German Crop Bioinformatics Network

Since March 2015, IPK has coordinated the *German Crop Bioinformatics Network* (GCBN), which forms part of the wider *German Network for Bioinformatics Infrastructure* (de.NBI). This network is tasked with the provision of software solutions, as well as addressing plant-specific queries. It also is involved in developing standards for data storage and analysis, data management and data exchange.

(6) The role of the Advisory Boards

The Scientific Advisory Board advises the Board of Directors and the Governing Board on academic and technical matters. The Gene Bank Advisory Board supports the Scientific Advisory Board in matters pertaining to the Gene Bank. Both Advisory Boards meet on an annual basis to evaluate the research programme. In 2014 (8–10 October), the Scientific Advisory Board focussed on the *Gene Bank* and *Cytogenetics and Genome Analysis* (since 01.01.2015 *Breeding Research*) Departments, while in 2015 (14–16 October), it was the turn of the *Molecular Genetics* and *Physiology and Cell Biology* Departments, along with the recently established independent working groups. The Gene Bank Advisory Board visited the Gene Bank in both years. The Governing Board held a meeting in November of both years. Discussions with the Scientific Advisory Board and the Governing Board focussed particularly on developing the Institute's future research strategy, which was accepted by the Senate of the Leibniz Society at the end of 2015.

(7) Conferences and Workshops

Respectively 14 and 13 conferences, symposia and workshops were held during 2014 and 2015, attracting many international participants. Some highlights are mentioned below, while a complete overview of these events is given on p. 152.

The 3rd *B Chromosome Conference* took place at Gatersleben on 7–9 April 2014. A total of 46 participants (originating

Abteilungen Molekulare Genetik sowie *Physiologie und Zellbiologie* und die der neu gegründeten unabhängigen Arbeitsgruppen begutachtet. Parallel hierzu besuchte und beriet der Genbank-Beirat in beiden Jahren die Genbank. Der Stiftungsrat tagte in beiden Jahren, jeweils im November.

Ein besonderer Schwerpunkt der Beratungen sowohl mit dem Wissenschaftlichen Beirat als auch dem Stiftungsrat war die Erarbeitung der zukünftigen Forschungsstrategie, welche Ende 2015 auch die Zustimmung des Senats der Leibniz-Gemeinschaft fand.

(7) Tagungen und Workshops

Im Berichtszeitraum wurden insgesamt 14 (2014) und 13 (2015) wissenschaftliche Tagungsveranstaltungen, Symposien und Workshops mit überwiegend internationaler Beteiligung durchgeführt. Ergänzend zu den im Folgenden aufgeführten Highlights findet sich auf S. 152 eine Gesamtübersicht mit allen Veranstaltungen.

Vom 7. bis 9. April 2014 fand die 3. *B-Chromosomen Konferenz* in Gatersleben statt. 46 Teilnehmende aus 11 verschiedenen Ländern hatten sich zusammengefunden, um sich über die neusten Entwicklungen auf dem Gebiet der B-Chromosomen zu informieren.

Vom 29. Juni bis 4. Juli 2014 wurde die gemeinsame Tagung der *EUCARPIA Cereals Section* und der *International Triticeae Mapping Initiative* (ITMI) in Wernigerode organisiert. Unter dem Motto *Cereals for Global Food, Feed and Fuel – Challenge for Global Improvement* trafen sich 330 Teilnehmer aus 40 Ländern und präsentierten ihre Ergebnisse in 80 Vorträgen und 192 Postern.

Vom 6. bis zum 10. Juli 2014 fand in Gatersleben und Quedlinburg die *17th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants* statt. Insgesamt 137 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus vier Kontinenten fanden sich zusammen, um die aktuellen Erkenntnisse zur Aneignung und Verwertung von Eisen in Pflanzen und zu dessen Interaktion mit anderen Pflanzennährstoffen zu diskutieren.

Am 7. und 8. Mai 2015 trafen sich Wissenschaftler, Künstler und Publizisten zum 4. Gaterslebener Gespräch, um sich mit dem Thema *Mensch und Natur im Zeitalter des Anthropozän* auseinanderzusetzen. Traditionsgemäß bildeten eine Kunstaussstellung sowie eine Schriftstellerlesung den Rahmen für die wissenschaftlichen Vorträge und das Rundtischgespräch.

Vom 22. bis 24. Juni 2015 fand das erste Treffen der COST Action FA1306 *The quest for tolerant varieties - Phenotyping*

from 11 countries) attended to learn of new developments in the field of B chromosomes.

Between 29 June and 4 July 2014, the joint conference of the *EUCARPIA Cereals Section* and the *International Triticeae Mapping Initiative* (ITMI) took place in Wernigerode. Under the heading *Cereals for Global Food, Feed and Fuel – Challenge for Global Improvement*, 330 participants from 40 countries assembled to present their research results in the form of 80 lectures and 192 posters.

The *17th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants* was held in Gatersleben and Quedlinburg on 6–10 July 2014. The event attracted 137 researchers, coming from four continents, and aimed to discuss the latest findings concerning the uptake and utilisation of iron in plants, and the interaction of iron with other plant nutrients.

The 4th Gatersleben Colloquium took place on 7 and 8 May 2015; researchers, artists and publicists focussed on the topic *Mankind and Nature in the Anthropocene Era*. As per tradition, an art exhibition and readings accompanied the scientific lectures and the round table discussion.

The initial meeting of COST Action FA 1306 *The quest for tolerant varieties – phenotyping at the plant and cellular level* took place at IPK on 22–24 June 2015, attended by 135 participants. The event facilitated not only scientific exchanges but also served to strengthen existing networks for plant phenotyping (EPPN, DPPN) and to promote the training of junior researchers.

Between 5 and 8 July 2015, researchers from IPK Wernigerode organised an *International Society for Seed Science* workshop entitled *Seeds for future generations – determinants of longevity*, where 212 experts from 22 countries discussed the biological processes and environmental influences underlying variation in the longevity of seeds.

Two other special events are worthy of mention: these were the *10th Plant Science Student Conference* (PSSC) and the *Barlomics Summer School*. The former was organised by the IPK Student Board, and addressed the topic *Plant science for the future*. The meeting took place on 2–5 June 2014 in Gatersleben and was attended by over 70 PhD students from Germany, Poland and the Czech Republic. The latter event was organised by the IPK Post Doc Board, and was held on 14–17 September 2015 at the IPK. The event was intended for PhD students to be informed about the methodologies underlying modern technologies and their application, particularly using the example of barley, the principal crop plant of the IPK.

at *plant and cellular level* mit 135 Teilnehmern am IPK statt. Die Veranstaltung ermöglichte neben dem wissenschaftlichen Austausch die Stärkung bestehender Netzwerke zur Pflanzenphänotypisierung (zum Beispiel EPPN, DPPN) und die Weiterbildung von wissenschaftlichem Nachwuchs.

Vom 5. bis 8. Juli 2015 organisierten Wissenschaftler des IPK in Wernigerode einen internationalen Workshop zu dem Thema *Seeds for Future Generations – Determinants of Longevity* der *International Society for Seed Science*. Insgesamt 212 Experten aus 44 Ländern diskutierten über biologische Prozesse aber auch Umwelteinflüsse, die zu einer differenzierten Langlebigkeit von Samen führen.

Besondere Ereignisse waren auch die vom Student-Board des IPK organisierte zehnte *Plant Science Student Conference* (PSSC), auf der sich vom 2. bis zum 5. Juni 2014 mehr als 70 Doktoranden aus Deutschland, Polen und der Tschechischen Republik unter dem Motto *Plant Science for the Future* in Gatersleben zusammenkamen sowie die vom Post Doc-Board des IPK organisierte *Barlomics Summer School*, die vom 14. bis 17. September 2015 am IPK stattfand. Letztere richtete sich an Doktoranden, welchen die methodischen Grundlagen moderner Technologien und deren Anwendungen vor allem am Beispiel von Gerste als der am IPK im Fokus stehenden Nutzpflanze vermittelt wurden.

Der Gaterslebener Forschungspreis ging im Jahr 2014 an den Biologen Dr. David Heckmann von der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf für seine Doktorarbeit zum Thema *Mathematical modelling of metabolism applied to the evolution of photosynthesis* anlässlich des jährlichen Treffens der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung e.V. Mit dem ebenfalls von der Fördergemeinschaft verliehenen Rudolf-Mansfeld-Preis wurden zum Institutstag 2015 Christian Colmsee (Hochschule Harz) für seine Masterarbeit zum Thema *Datenmanagement und Visualisierung von BAC-Netzwerken zur Unterstützung der Sequenzierung des Gers tengenoms* sowie Lisa Bertram (Georg-August-Universität Göttingen) für ihre Masterarbeit zum Thema *Vergleich von Methoden zur Schätzung von Ertragszuwachs und Zuchtfortschritt bei Winterweizen* ausgezeichnet. Preisträger des vom PhD Board verliehenen *Beagle Awards* für hervorragendes wissenschaftliches und soziales Engagement waren Dr. Marco Pellino (2014) und Dr. Ravi Koppulu (2015).

(8) Zusammenarbeit mit Universitäten und Forschungseinrichtungen

Ein wichtiger Aspekt im Hinblick auf die Weiterentwicklung des Forschungsprogramms ist die Vernetzung mit anderen Forschungseinrichtungen. Ziel ist die Nutzung von Komplementäreffekten (*Know-how*, technische Ausstattung)

During the 2014 annual meeting, the Gatersleben Research Prize, sponsored by the Association for the Promotion of Crop Research (Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung e.V.) and the IPK, was awarded to the biologist Dr David Heckmann (Heinrich Heine University Düsseldorf) for his dissertation *Mathematical modelling of metabolism applied to the evolution of photosynthesis*. During the 2015 annual meeting, the Rudolf Mansfeld prize, sponsored by the same association as above, was awarded to Christian Colmsee (Harz University of Applied Sciences) for his MSc thesis *Data management and visualization of BAC networks to support the sequencing of the barley genome* and to Lisa Bertram (Georg-August University Göttingen) for her MSc thesis *Comparative methods for estimating yield increases and breeding advance in winter wheat*. The Beagle Award, granted by the PhD board for excellence in the area of scientific and social commitment, was awarded to Dr Marco Pellino in 2014 and to Dr Ravi Koppulu in 2015.

(8) Collaboration with universities and research institutes

Networking with other research institutes is recognized as an important means of promoting the institute's research programme. The objective is to exploit complementary know how and technical equipment, and to identify promising young researchers.

A particularly fruitful collaboration is the one established with the Martin Luther University Halle-Wittenberg; this operates within the framework of the *Leibniz ScienceCampus* and the *Interdisciplinary Centre for Crop Research*. Thanks to the decision taken by the Leibniz Association, the *ScienceCampus Halle for Plant-based Bioeconomy* will be able to continue its work for another four years. This regionally-based collaboration is jointly supported by the Leibniz Association, the Saxony-Anhalt government and the Martin Luther University Halle-Wittenberg.

The *Rostock Scientific Campus – Research on Phosphorus* (WCR) was initiated on 20 August 2014; this interdisciplinary collaboration focusses on the increasingly scarce raw material phosphorus. The IPK participates in the WCR, in conjunction with the Mecklenburg-Western Pomerania government, Rostock University, the Leibniz Institute for Catalysis (Rostock), the Leibniz Institute for Farm Animal Biology (Dummerstorf), the Leibniz Institute for Baltic Sea Research (Warnemünde) and the Leibniz Institute for Plasma Science and Technology (Greifswald).

On 20 October 2014, a collaborative agreement was signed with the Chinese Academy of Sciences *Institute for Genetics and Developmental Biology*, providing a basis for networking with the rapidly developing scientific landscape in China.

und die Gewinnung von Nachwuchswissenschaftlern. Besonders hervorzuheben ist hierbei die Zusammenarbeit mit der Martin-Luther-Universität im Rahmen eines *Leibniz WissenschaftsCampus* und des *Interdisziplinären Zentrums für Nutzpflanzenforschung*. Entsprechend der Auswahlentscheidung der Leibniz-Gemeinschaft kann der *WissenschaftsCampus Halle – Pflanzenbasierte Bioökonomie* (WCH) für weitere vier Jahre seine Arbeit fortsetzen. Gemeinsam gefördert wird die regionale Kooperation durch die Leibniz-Gemeinschaft, das Land Sachsen-Anhalt sowie die Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

Am 20. August 2014 wurde in Warnemünde der *WissenschaftsCampus Rostock – Phosphorforschung* (WCR) gegründet. Ziel der interdisziplinären Zusammenarbeit ist die Erforschung des immer knapper werdenden Rohstoffes Phosphor. Gemeinsam mit dem Land Mecklenburg-Vorpommern, der Universität Rostock, dem Leibniz-Institut für Katalyse e.V. in Rostock, dem Leibniz-Institut für Nutztiertechnologie in Dummerstorf, dem Leibniz-Institut für Ostseeforschung Warnemünde und dem Leibniz-Institut für Plasmaforschung und Technologie e.V. beteiligt sich das IPK am WCR.

Am 20. Oktober 2014 wurde ein Kooperationsvertrag mit dem *Institute for Genetics and Developmental Biology* der Chinesischen Akademie der Wissenschaften abgeschlossen. Der Kooperationsvertrag stellt die Grundlage für die Vernetzung des Instituts mit der sich überaus dynamisch entwickelnden Wissenschaftslandschaft in China dar.

Im Herbst 2014 schloss sich das Institut der *DivSeek* Initiative an. Gemeinsam mit Partnern aus der ganzen Welt sollen dabei Standards und Vorgehensweisen für die *omics* basierte Nutzbarmachung pflanzengenetischer Ressourcen definiert werden. *DivSeek* wird wichtige Impulse für die Biodiversitätsinformatik liefern, die ein zentrales Entwicklungsfeld am IPK darstellt. In diesem Zusammenhang wurde bereits im Frühjahr 2014 die Datenbank zum Betrieb des *European Search Catalogue for Plant Genetic Resources* (EURISCO) an das IPK verlagert, wo sie in den kommenden Jahren weiterentwickelt werden soll.

Seit 2013 ist das IPK bereits am *Leibniz-Forschungsverbund Biodiversität* beteiligt. Im Berichtszeitraum hat es sich mit Partnereinrichtungen zusätzlich noch dem *Leibniz-Forschungsverbund Nachhaltige Lebensmittelproduktion und gesunde Ernährung* angeschlossen.

In autumn 2014, the Institute associated itself with the *DivSeek* Initiative, a global collaboration which seeks to define standards and procedures applicable for the *omics* based utilisation of plant genetic resources. *DivSeek* is intended to generate significant impetus in the area of biodiversity-related bioinformatics, a key IPK development area. By spring 2014, the database underlying the *European Search Catalog for Plant Genetic Resources* (EURISCO) had already been shifted to the IPK, where its further development is anticipated.

Since 2013, the IPK has been part of the *Leibniz Biodiversity Research Alliance*. During the reporting period, the IPK and its partner institutes have also affiliated themselves with the *Leibniz Sustainable Food Production and Healthy Nutrition Research Alliance*.

(9) Young researchers and equality of opportunity

The IPK has been able to consolidate its position as an attractive training centre for would be academics. As of the end of 2015, 87 PhD students were associated with the Institute. During the reporting period, 32 students have graduated with a BSc, 29 with a PhD and one with a habilitation. Institute-based researchers have conducted courses at, or in collaboration with, Martin Luther University Halle-Wittenberg, University of Potsdam, University of Hannover, Georg August University Göttingen and University of Hohenheim, as well as at the Harz and Anhalt Applied Sciences Universities at Wernigerode, Bernburg and Köthen.

The Student Board has a voice in the shaping of the Institute's PhD programme, which consists of PhD seminars, lectures given by external scientists, organizing the *Plant Science Student Conference* and conducting training sessions designed to promote soft skills. The positive experiences gained by the Leibniz Graduate School, working with the Martin Luther University Halle-Wittenberg, in organizing the *Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors* event has influenced the development of the structured IPK PhD programme, which has now been established on a permanent basis. All IPK PhD students now participate in the *PhD Graduate Program*.

On 17 June 2014, the IPK's family-friendly human resources policies were successfully evaluated for the second time by the Berlin-based *audit berufundfamilie*. The Institute has now committed itself to providing equal opportunity training possibilities for mothers and fathers through a consolidation of family-friendly conditions, thereby enhancing its international competitiveness in the recruitment of highly qualified staff.

(9) Wissenschaftlicher Nachwuchs und Chancengleichheit

Das IPK konnte seine Stellung als attraktiver Ausbildungsstandort für akademischen Nachwuchs weiter festigen. Ende 2015 waren 87 Doktoranden am Institut tätig. Im Zuge der Ausbildung von wissenschaftlichem Nachwuchs wurden im Berichtszeitraum 32 Bachelor-, 20 Masterarbeiten sowie 29 Dissertationen und eine Habilitation abgeschlossen. Wissenschaftler des Instituts führten Lehrveranstaltungen an oder in Zusammenarbeit mit den Universitäten Halle-Wittenberg, Potsdam, Hannover, Göttingen und Hohenheim sowie den Hochschulen Harz und Anhalt an den Standorten Wernigerode, Bernburg und Köthen durch. Das am Institut etablierte Doktorandenprogramm wird über weite Strecken durch das Student Board mit gestaltet. Zu den Aktivitäten zählen Doktorandenseminare, die Einladung externer Wissenschaftler zu Seminarvorträgen, die Organisation der *Plant Science Student Conference* sowie spezielle Fortbildungsveranstaltungen zur Förderung von soft skills. Die guten Erfahrungen, welche mit der Strukturierung des Doktorandenprogramms durch die gemeinsam mit der MLU Halle ab dem Jahr 2012 geführte Graduierten-Schule *Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors*, flossen in den Aufbau eines strukturierten Doktorandenprogramms am IPK ein, welches sich damit verstetigte. Alle Promovierenden am IPK Gatersleben sind in dieses *PhD Graduate Program* eingebunden.

Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung ist am 17. Juni 2014 in Berlin für seine strategisch angelegte familienbewusste Personalpolitik mit dem *audit berufundfamilie* re-auditiert worden. Das IPK hat damit das *audit berufundfamilie* bereits zum zweiten Mal erfolgreich durchlaufen. Mit der Re-Auditierung setzt sich das Institut zum Ziel, durch die Festigung und Verstetigung der familienbewussten Rahmenbedingungen Müttern und Vätern chancengerechte Bedingungen für die berufliche Weiterentwicklung zu bieten und seine internationale Wettbewerbsfähigkeit zur Gewinnung hochqualifizierten Personals zu erhöhen.

(10) Öffentlichkeitsarbeit und öffentliche Wirkung

Für die Darstellung der Leistungen des IPK gegenüber der breiten Öffentlichkeit spielen die Medien- und Pressearbeit, die Präsentation des Instituts auf Messen sowie Führungen von Besuchergruppen eine wichtige Rolle.

Insgesamt stellte sich das IPK im Berichtszeitraum auf verschiedenen Fach- und Kontaktmessen vor. Als ein besonderes Transferformat nutzte das IPK Gatersleben in diesem Rahmen die Weltausstellung Expo 2015, die am 1. Mai 2015 in Mailand ihre Tore unter dem Thema *Feeding*

(10) Public relations and public impact

Exposure in the electronic media and in the press, presentations at trade fairs, as well as tours for the public, continue to provide an essential means of publicizing IPK's work. During the reporting period, the Institute had a presence at various specialist and commercial fairs.

The Institute was represented by the Gene Bank in the German pavilion at the Universal Exposition Expo 2015 in Milan, which ran from 1 May till 31 October under the theme *Feeding the planet, energy for life*. The display featured the promotion of future global food security through the activities of the Gene Bank.

A significant contribution was made by the Institute's participation in the *Wissens Werte* event, the most important German language forum for science journalists, science communicators and scientists, which took place at Magdeburg from 24 to 26 November 2014. The IPK, in conjunction with its partners in the *Leibniz Science Campus for Plant-based Bioeconomy*, contributed, among other things, interviews with reporters with a view to increasing its visibility to the press and the public. Particularly successful was the opportunity offered to a group of science journalists to come in person to the Institute, where a number of lectures were given, along with a guided tour of the site. The outcome was a set of reports describing the research infrastructure of the IPK, noting that these were available to external users.

Over the reporting period, some 2,584 members of the public took part in 149 tours of the Gatersleben, Gross Lüsewitz and Malchow/Poel sites; the visitors were informed about many of the ongoing research projects and the conservation of genetic resources. Reflecting public interest, most of the tours focussed on the research infrastructure of the Institute, especially the gene banks at all three sites and the technology associated with plant phenotyping. Numerous descriptions of aspects of the activities and tasks of the IPK have been broadcast over the television and radio, as well as appearing in print on the internet and in newspapers. The Institute has published 39 press releases over the reporting period. Institute employees have served as points of contact for various reporters and politicians.

An open day, organised jointly with other partners housed within the Gatersleben campus, is run each year, with the intention of reaching out to the local population by showcasing the research conducted by the Institute. The 2014 event attracted around 800 visitors. At the 2015 *Fest der Begegnung* (festival for meeting people), which ran parallel with the open day, some of the foreign employees prepared culinary specialities from their home country and presented a wide range of cultu-

the planet, energy for life öffnete. Bis zum 31. Oktober 2015 wurden Besuchern aus aller Welt Lösungsansätze für die größer werdende Herausforderung der Welternährung präsentiert. Einen wichtigen Ansatz zur Sicherung der Ernährung der Zukunft präsentierte das IPK mit seiner *bundeszentralen ex situ-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen* im deutschen Pavillon.

Hervorzuheben ist auch die Teilnahme an der *Wissens Werte* als das wichtigste deutschsprachige Fachforum für Wissenschaftsjournalisten, -kommunikatoren und Forscher, die vom 24. bis zum 26. November 2014 in Magdeburg stattfand. Gemeinsam mit seinen Partnern im *Leibniz WissenschaftsCampus Pflanzenbasierte Bioökonomie* präsentierte sich das IPK den Multiplikatoren u. a. im Rahmen von Interviews, um seine Sichtbarkeit gegenüber der Presse und Öffentlichkeit zu erhöhen. Von besonderer Bedeutung war dabei das Exkursionsangebot für Wissenschaftsjournalisten zum Institut, das den Teilnehmern im Rahmen von Vorträgen und Führungen vor Ort vorgestellt wurde, insofern es konkreten Niederschlag in der Presse bzgl. der auch extern nutzbaren Forschungsinfrastrukturen des IPK fand.

Im Berichtszeitraum wurden in 149 Führungen über 2.584 Besucher an den Standorten Gatersleben, Groß Lüsewitz und Malchow/Poel über Forschungsarbeiten und die Erhaltung genetischer Ressourcen informiert. Ein erheblicher Anteil der Führungen konzentrierte sich – resultierend aus dem öffentlichen Interesse – auf die Forschungsinfrastruktur des Instituts, v. a. die Genbanksammlungen in Gatersleben und an den beiden Standorten Groß Lüsewitz und Malchow/Poel sowie auf die technischen Einrichtungen zur Pflanzenphänotypisierung.

Im Fernsehen, Radio, im Internet und in den Printmedien erschienen zahlreiche Beiträge, die die Arbeiten und die Aufgaben des IPK einer breiten Öffentlichkeit präsentierten. Daneben erschienen im Berichtszeitraum 39 Presseinformationen. Mitarbeiter des Instituts standen Medienvertretern und Politikern als Ansprechpartner zur Verfügung.

Mit dem Tag der offenen Tür wird die Bevölkerung in der Region angesprochen und über die Arbeiten des Instituts und seiner Standortpartner informiert. Zu der gemeinsam mit den Partnern auf dem Gaterslebener Campus jährlich durchgeführten Veranstaltung fanden im Jahr 2014 ca. 800 Besucher den Weg an das Institut. Zum Fest der Begegnung, welches im Jahr 2015 gemeinsam mit dem Tag der offenen Tür stattfand, hielten die ausländischen Mitarbeiter wieder kulinarische Spezialitäten sowie ein breites Angebot an Informationen zur Kultur und Geschichte ihrer Heimatländer bereit. Eine spezielle auf Familien zugeschnittene Erweiterung des wissenschaftlichen und kulturellen Angebots führte zu einem Besucheransturm von ca. 1.200 Gästen.

ral and historical information. This extended scientific and cultural programme, designed especially for families, attracted some 1,200 guests. Thus, compared with the previous reporting period, the total number of lay visitors has been doubled.

(11) Biotechnology Gatersleben

The Institute is the largest organization housed within the Gatersleben campus, and is the focus of the local initiative *Green Gate Gatersleben* (<http://www.green-gate-gatersleben.de/>). The other partners comprise six private companies, a school laboratory and various service providers. Collaboration with several of the companies takes the form of coordinated marketing, for example the mounting of a joint presentation at the *Biotechnica* 2015 trade fair at Hannover. A number of public-private partnership projects have been conducted, including a programme of service provision in the field of DNA analytics. The Bayer AG European Centre for Wheat Breeding, housed on the campus, has undergone a rapid expansion during the reporting period: an opening ceremony took place on 24 September 2015. The centre provides significant opportunities for interaction with IPK's wheat research programme. A cooperation already exists to encourage young researchers to engage with the plant-based bioeconomy in Saxony-Anhalt: in conjunction with Bayer AG, and initiated by the *Halle ScienceCampus for Plant Based Bioeconomy*, the IPK and the Martin Luther University Halle-Wittenberg have funded a fellowship to support a student undertaking an MSc in crop science. It is hoped that the targeted promotion of young researchers will motivate excellent students to strengthen their knowledge in the field of plant breeding and bioeconomy.

(11) Der Biotechnologiestandort Gatersleben

Als größte Einrichtung auf dem Campus steht das Institut im Mittelpunkt der Standortinitiative *Green Gate Gatersleben* (<http://www.green-gate-gatersleben.de/>). Diese umfasst neben dem Institut sechs Firmen, ein Schülerlabor sowie verschiedene Dienstleister. Die Zusammenarbeit mit verschiedenen am Standort angesiedelten Firmen erfolgt einerseits über ein gemeinsames Standortmarketing, u. a. durch einen gemeinsamen Auftritt auf der Fachmesse *Biotechnica* 2015 in Hannover, aber auch über die Bearbeitung gemeinsamer Projekte sowie durch die Bereitstellung wissenschaftlicher Serviceleistungen auf dem Gebiet der DNA-Analytik.

Der Auf- und Ausbau des europäischen Zentrums für Weizenzüchtung auf dem Campus im Biotechpark Gatersleben durch die *Bayer AG* schritt im Berichtszeitraum zügig voran und endete mit der feierlichen Eröffnung des Zentrums am 24. September 2015. Das Zentrum bietet für das IPK wichtige Anknüpfungspunkte für die Forschungsarbeiten an Weizen. Im Rahmen der Nachwuchsförderung im Bereich der pflanzenbasierten Bioökonomie in Sachsen-Anhalt wird bereits zusammengearbeitet: Gemeinsam mit der *Bayer AG* haben das IPK und die Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg ein Stipendium für den Masterstudiengang Nutzpflanzenwissenschaften auf Initiative des *WissenschaftsCampus Halle – Pflanzenbasierte Bioökonomie* ausgelobt. Durch die gezielte Nachwuchsförderung sollen exzellente Studierende motiviert werden, ihre Kenntnisse im Bereich der Pflanzenzüchtung sowie der Bioökonomie zu vertiefen.

Verwaltung und Infrastruktur/Administration and Infrastructure

Personal

Gegenüber der Berichtsperiode 2012/2013 ist ein leichtes Nachgeben im Personalstand von 518 Beschäftigungsverhältnissen auf 476 Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter bzw. um rund 8 % zu verzeichnen. Bezogen auf die Finanzierung ist der Anteil haushaltsfinanzierter Beschäftigter nur gering um etwa 3 %, der Anteil drittmittelfinanzierten Personals aufgrund des Förderendes der *GABI-Projekte* (Genomanalyse im System Pflanze) des BMBF um rund 23 % zurück gegangen.

Die Entwicklung über die letzten drei Jahre ist in der nachfolgenden Tabelle dargestellt:

Tab. 1 Personalgesamtübersicht (Stand: 31.12.2015)

	2013	2014	2015
Haushaltsfinanziertes Personal	337	312	328
Drittmittelfinanziertes Personal	161	156	124
Auszubildende	20	18	24
Gesamt	518	486	476

Die Ausbildung des **wissenschaftlichen Nachwuchses und die Karriereförderung** werden am IPK als zentrale Aufgaben wahrgenommen.

Innovative Forschung ist langfristig ohne die strategisch ausgerichtete Qualifizierung besonders geeigneter und motivierter Nachwuchsforscherinnen und -forscher nicht möglich. Durch verschiedene Lehrangebote an kooperierenden Universitäten und Hochschulen, durch Angebote zur dualen Ausbildung sowie mit Hilfe industriefinanzierter Masterstipendien, welche über den *Leibniz WissenschaftsCampus Halle* (WCH) vergeben werden, gewinnt das IPK frühzeitig herausragende Studierende.

Alle Promovierenden am IPK Gatersleben sind in das *PhD Graduate Program* eingebunden. Sie profitieren nicht nur von der herausragenden Forschungsinfrastruktur, der Interdisziplinarität und Internationalität des Instituts sowie den entsprechenden Netzwerken, sondern auch ganz maßgeblich von einem strukturierten Arbeitsprogramm mit Seminaren, Lehrveranstaltungen und Praktika. Die Teilnahme ist verbindlich und erweitert das theoretische und technische *Know how* inkl. *Soft skills* der Nachwuchswissenschaftlerinnen und -wissenschaftler deutlich.

Die Interessen und Anliegen der Doktorandinnen und Doktoranden gegenüber dem Direktorium werden durch das *PhD Student Board* vertreten, um spezifische Handlungsfelder auf-

zudecken sowie gemeinsam Ziele und Maßnahmen und Ziele zu entwickeln.

Tab. 2 Nachwuchsförderung im wissenschaftlichen Bereich (Stand: 31.12.2015)

	2013 (Frauen)	2014 (Frauen)	2015 (Frauen)
Doktorandinnen/ Doktoranden	63 (27)	63 (24)	60 (25)
Gastdoktorandinnen/ Gastdoktoranden	30 (17)	33 (17)	27 (18)
Wissenschaftliche/ studentische Hilfskräfte	17 (7)	12 (7)	11 (3)
Gesamt	110 (51)	108 (48)	98 (46)

Analog zur Förderung der Promovierenden wird die berufliche Entwicklung junger *Postdocs* unterstützt. Das *Postdoc-Board* gibt Hilfestellung bei der Schaffung der eigenen beruflichen Identität. Mit Hilfe eines selbstverwalteten Budgets werden Weiterbildungsmaßnahmen (u. a. Hochschuldidaktik, Seminare für Laborleiter) durchgeführt und im zweijährigen Turnus eine *Summer School* organisiert. Darüber hinaus bestehen vielfältige Möglichkeiten zur Beteiligung an Lehraktivitäten. Das *Postdoc-Board* trifft sich einmal jährlich mit dem Direktorium zur Besprechung des *Status quo* und zur Fortentwicklung der programmatischen Aktivitäten.

Um herausragenden Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern die Möglichkeit zu geben, sich wissenschaftlich zu profilieren, existieren am IPK drei unabhängige Arbeitsgruppen. Ohne in eine der vier wissenschaftlichen Abteilungen des Instituts eingegliedert und einem Abteilungsleiter unterstellt zu sein, können sich ihre Leiterinnen und Leiter mit hoher Eigenständigkeit und Sichtbarkeit auf eine spätere wissenschaftliche Leitungsfunktion vorbereiten und eigene Forschungsprojekte realisieren.

Durch die Möglichkeit gemeinsamer Berufungen (W3), insbesondere ab 2016 auch von Juniorprofessuren, sowie von Honorar- und außerplanmäßigen Professuren wird die Zusammenarbeit mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg weiter gestärkt.

Für das IPK bedeutet **Nachwuchsförderung** auch entsprechendes Engagement in der beruflichen Aus- und Weiterbildung. So wurde am IPK ein Programm zur internen Weiterbildung des technischen und nicht-wissenschaftlichen Personals etabliert. Hiervon ausgehend wird ein strukturiertes Aus- und Weiterbildungsmanagement angestrebt. Im Bereich der Berufsausbildung hat das Institut mit insgesamt 18 (2014: 13)

Ausbildungsplätzen in verschiedenen Berufen und 6 (2014: 5) dualen Studierenden das hohe, über den eigenen Bedarf weit hinausgehende Niveau, leicht ausbauen können. Mit einer Ausbildungsquote (Ausbildungsplätze bezogen auf die Anzahl der sozialversicherungspflichtigen Beschäftigten) von rund 5 % (Stand: 31.12.2015) liegt das IPK etwas über der Durchschnittsquote aller Einrichtungen der Leibniz-Gemeinschaft (vgl. Tab. 3).

Das IPK ist bestrebt, alternative Wege zu nutzen und bietet in Kooperation für den dualen Bachelor-Studiengang *Biotechnologie* an der Hochschule Anhalt (FH) in Köthen entsprechende Ausbildungsplätze an. Die Studentinnen und Studenten absolvieren im Institut den praktischen Teil ihrer Ausbildung

Tab. 3 Anzahl der Auszubildenden (Stand: 31.12.2015)

Art der Auszubildenden	2013	2014	2015
Biologielaborant/-in	9	6	8
Bürokauffrau/-mann bzw. Kauf- frau/-mann für Büromanagement	1	3	2
Gärtner/-in für Gemüsebau bzw. Pflanzentechnologin/Pflanzen- technologe	1	1	3
Fachangestellte/-r für Medien- und Informationsdienste	1	0	1
Köchin/Koch	2	1	2
Fachinformatiker/-in Systemintegration	2	2	2
Duale Studierende Biotechnologie	4	5	6
Gesamt	20	18	24

Das Hauptforschungsobjekt *Kulturpflanze* erfordert einen hohen gärtnerischen und technischen Betreuungsaufwand. Hierfür stehen den Wissenschaftlern entsprechende Fachkräfte zur Seite. Durch die Administration werden für das gesamte Institut wissenschaftsunterstützende Dienstleistungen erbracht. Die Verteilung der Stellen auf die jeweiligen Programme zeigt Tabelle 4.

Tab. 4 Beschäftigte nach Programmbereichen
(Stand: 31. Dezember 2015)

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

	Wissenschaft- liches Personal	Wissenschafts- unterstützendes Infra- strukturpersonal	Verwaltungs- personal	Auszubildende	Summe
2015					
Progr. 1	44	67	0	8	119
Progr. 2	44	34	0	2	80
Progr. 3	33	40	0	0	73
Progr. 4	50	41	0	6	97
Admin.	0	73	26	8	107
Gesamt	171	262	26	24	476

Die Förderung und Umsetzung der **Chancengleichheit** stehen im Fokus des IPK und verschiedene Elemente sind bereits strukturell verankert.

Das IPK hat für eine Erhöhung des Frauenanteils flexible Zielquoten im Sinne des Kaskadenmodells der Gleichstellungsstandards der DFG definiert, die im Programmbudget und Gleichstellungskonzept detailliert verankert sind. Das Institut strebt deren Umsetzung bis 2017 an. Als realistischer Horizont für das Erreichen der definierten Zielquoten wird ein Zeitraum von fünf bis acht Jahren angenommen. Dabei können die Ziele den Entwicklungen angepasst werden, die sich am IPK abzeichnen. Das gilt für Fortschreibungen des bestehenden und die Aufstellung des nächsten Gleichstellungskonzepts in 2018 für den Zeitraum bis 2023. Hierbei ist zu berücksichtigen, dass die entsprechenden Ziele nur in dem Rahmen erreicht werden können, den die tatsächliche Stellenfluktuation, die Teilnahme von Frauen als Bewerberinnen und das rechtliche Prinzip der Bestenauslese (mindestens gleiche Eignung, Befähigung und fachliche Leistung) zulassen. Trotz intensiver aktiver Bemühungen des Instituts gehen auf ausgeschriebene wissenschaftliche Positionen mitunter keine ausreichenden oder auf das Stellenprofil passenden Bewerbungen von Frauen ein.

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

- Sicherstellung der Vereinbarkeit von Beruf und Familie auf zertifizierter und extern geprüfter Basis (Audit und Re-Audit *berufundfamilie* der gemeinnützigen Hertie-Stiftung bis 2016).
- Flexible Gestaltungsmöglichkeiten von Arbeitszeit und -ort.
- Zur flexibleren Betreuung des Nachwuchses bietet das IPK ein Eltern-Kind-Arbeitszimmer an. Außerdem gewährt das IPK seinen Beschäftigten einen monatlichen Zuschuss zu den Kinderbetreuungskosten. Durch Kooperationen mit dem Kindergarten und der Grundschule in Gatersleben werden weitere Möglichkeiten der Zusammenarbeit genutzt.
- *Dual Career-Angebote*: Das IPK unterstützt Paare, indem es sich bei Bedarf an der Suche nach Arbeitsplätzen für Lebenspartnerinnen und Lebenspartner von neuen Beschäftigten beteiligt bzw. diese vermittelt.

Finanzierung/Budget

Seit der Einführung der Programmbudgets an Stelle der Wirtschaftspläne werden die Einnahmen und Ausgaben für die Programme ungeachtet der Mittelherkunft betrachtet. Dem IPK standen 2015 insgesamt 55.219 TEUR (2014: 55.066 TEUR;

2013: 49.295 TEUR) für eigene Ausgaben, d. h. ohne Einnahmen für Partner und ohne Einbehalte für Baumaßnahmen, zur Verfügung. Das entspricht einer Steigerung um 12 % gegenüber 2013. In diesen Angaben sind die Selbstbewirtschaftungsmittel enthalten.

In 2015 betrugen die Zuwendungen im Rahmen der Grundfinanzierung 30.053 TEUR (2014: 32.112 TEUR, 2013: 29.555 TEUR). Darin enthalten sind in 2015 316 TEUR Betriebsmittel und 135 TEUR Investitionsmittel als nach 2016 übertragene Selbstbewirtschaftungsmittel.

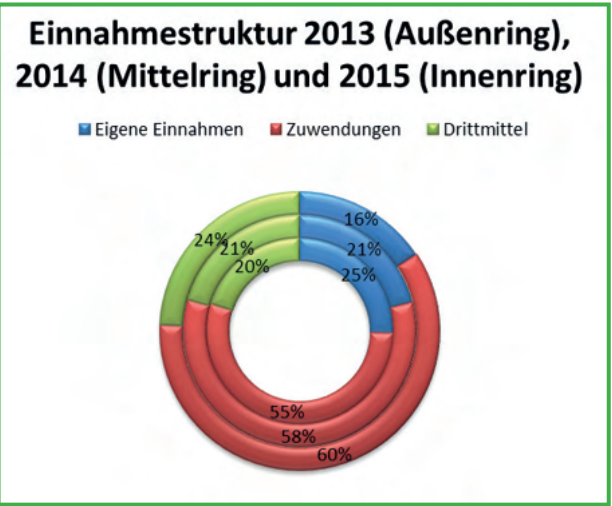


Fig. 4 Entwicklung der Gesamteinnahmen

Auf der Seite der Mittelverwendung entfielen rund 44 % der Gesamtausgaben auf den Personalbereich. Der Anstieg bei den Betriebsausgaben war vorrangig auf die Kostensteigerung bei den Bewirtschaftungskosten zurückzuführen. Bei den Geräteinvestitionen ist der Erwerb der *SunGene*-Liegenschaft in 2014 mit 1.332 TEUR enthalten. Daneben sind 2.690 TEUR Selbstbewirtschaftungsmittel für Investitionen nach 2015 übertragen und ausgegeben worden. Bei den Bauinvestitionen schlagen vor allem die Ausgaben für die Errichtung der Pflanzenkulturrhalle ab 2013 sowie der Heizungsanschluss an das Leitungsnetz des Instituts zu Buche. Die Struktur der Gesamtausgaben 2013 bis 2015 ist im Folgenden dargestellt

Tab. 5 Entwicklung der Gesamtausgaben in TEUR ohne Ausgaben für Partner sowie ohne Einbehalte für Bauinvestitionen

Jahr	Personalausgaben	Sachausgaben	Geräteinvestitionen	Bauinvestitionen	Gesamt
2013	24.052	16.575	4.937	3.731	49.295
2014	24.081	16.669	7.346	6.970	55.066
2015	24.108	18.749	6.531	5.831	55.219

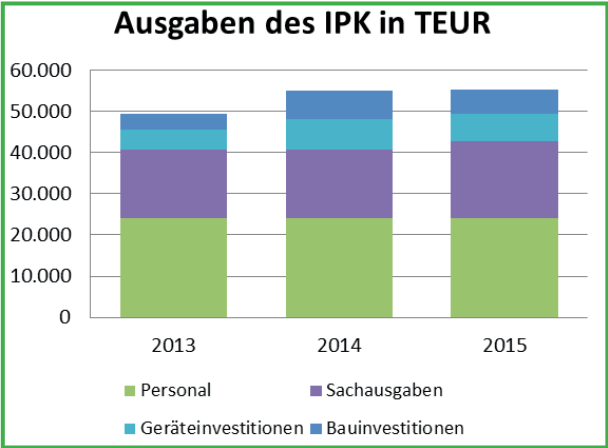


Fig. 5 Struktur der Gesamtausgaben

Drittmittel 2014/2015

In 2015 wurden für 174 Projekte (2014: 179) Einnahmen (ohne Partner) in Höhe von insgesamt 11.157 TEUR (2014: 11.369 TEUR) erzielt. Die Einnahmen insgesamt sind leicht gesunken, weil das durch das BMBF geförderte *GABI*-Programm beendet ist. Hauptzuwendungsgeber waren das Bundesministerium für Bildung und Forschung, die Deutsche Forschungsgemeinschaft und die Europäische Union. Die Einnahmen vom BMBF resultierten überwiegend aus dem neuen Rahmenprogramm *Biotechnologie – Chancen nutzen und gestalten* sowie aus dem Großprojekt *Deutsches Pflanzen Phänotypisierungs Netzwerk* (DPPN), in dem in Gatersleben einer von drei Knoten aufgebaut wird. Der in 2012 ersichtliche Rückgang bei den Einnahmen von der DFG wegen Nichtbedienung der Mittelanforderungen für die letzten zwei Monate des Haushaltsjahres wurde in 2013 ausgeglichen, so dass für die Zuwendungen von der DFG der jährliche Durchschnitt bei 1.984 TEUR liegt.

Die Einnahmen aus der Auftragsforschung konnten um ca. 0,6 Mio. EUR gesteigert werden. Der Anteil der Einnahmen aus der Wirtschaft liegt somit bei 26 % (im Vorjahr 20 %) der Gesamtdrittmittel. Neben den Einnahmen für das IPK wurden 66 TEUR (Vorjahr 230 TEUR) für Partner eingenommen und weitergereicht. Die Entwicklung der Einnahmen für Projekte über die letzten drei Jahre ist im folgenden Diagramm dargestellt:

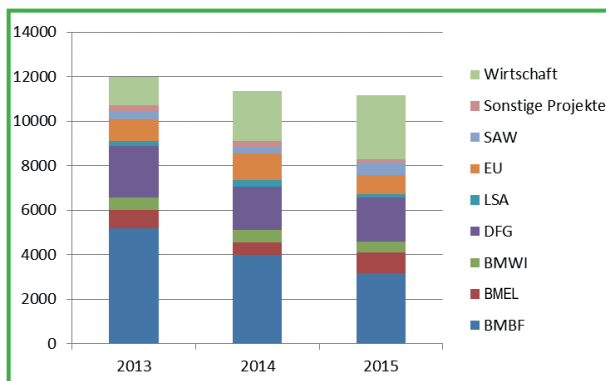


Fig. 6 Entwicklung der Drittmitteleinnahmen nach Mittelherkunft ohne Anteil für Partner (Angaben in TEUR)

Tab. 6 Entwicklung der Zuwendungen (Angaben in TEUR)

	2013	2014	2015
Bundesministerium für Bildung und Forschung	5.179	3.999	3.156
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft	817	554	936
Bundesministerium für Wirtschaft	581	559	515
DFG	2.318	1.936	1.964
Land Sachsen-Anhalt	210	316	161
EU	972	1.173	845
SAW-Leibniz-Wettbewerb	341	315	550
Sonstige Projekte	285	268	168
Wirtschaft	1.282	2.249	2.862
Gesamt	11.985	11.369	11.157

Technologietransfer 2014/2015

Im Berichtszeitraum 2014/2015 wurden fünf Erfindungen durch WissenschaftlerInnen des IPK gemeldet. Alle fünf erfindungsmäßigen Technologien wurden vom Institut in Anspruch genommen, wobei im gleichen Zeitraum für drei der gemeldeten Erfindungen neue Patentanmeldungen durch das Institut vorgenommen worden sind.

Im Berichtszeitraum optierte ein Wirtschaftspartner auf Übertragung einer zum Schutzrecht angemeldeten Erfindung sowie einer Erfindungsmeldung, die an diesen gemäß den vertraglichen Regelungen übertragen wurden. Mit zwei verschiedenen Wirtschaftspartnern wurde jeweils ein Vertrag, zum einen zur Übertragung und zum anderen zur Einlizenzierung von Ergebnissen aus gemeinsamen Forschungsprojekten verhandelt.

Insgesamt wurden im Berichtszeitraum Lizenzeinnahmen in Höhe von 33 TEUR (zzgl. gesetzl. USt.) erzielt.

In 2015 wurden insgesamt neunundzwanzig Kooperationsverträge sowie zwei Rahmenverträge mit der *Chinese Academy of Science* und dem Leibniz-Institut für umweltmedizinische Forschung (IUF) abgeschlossen. Weiterhin wurden zwölf Forschungs- und Entwicklungsverträge für FuE-Vorhaben mit Wirtschaftsunternehmen mit einem Gesamtvolumen von ca. 2 Mio. Euro (netto) sowie zwei Verlängerungsverträge und zwei Änderungsvereinbarungen für bereits laufende FuE-Vorhaben abgeschlossen.

Zudem wurden fünf Verträge zu projektbezogenen Unteraufträgen, vier (Fördermittel-) Weiterleitungsverträge sowie zwei Übertragungsverträge für erfindungsmäßige Technologien, zwei Lizenzverträge und zwei wissenschaftliche Dienstleistungsverträge abgeschlossen. Im Berichtszeitraum wurden weiterhin Verhandlungen über Rahmenvereinbarungen mit der Universidad in Lavras (Brasilien) und der *University of Saskatchewan* und deren assoziiertem Institut GIFS aufgenommen, die derzeit noch andauern.

Tab. 7 Baumaßnahmen 2014/2015

Lfd Nr.	Maßnahme	2014 Kosten (TEUR)	2015 Kosten (TEUR)
01	Pflanzenkulturrhalle	1.550	1.044
02	Umbau Heizzentrale	69	551
03	Lagerhalle (Geb. 1609)	191	112
04	Dacherneuerung Geb. 1606–1608	100	76
05	Saatgutaufbereitung Geb. 1604 (Planung)	-	45
06	IT-Technikzentrale	-	680
07	Umbaumaßnahmen Bioinformatikzentrum	-	60
08	Roll-Gewächshaus	270	-
09	Umrüstung Phytokammer auf LED	-	-

Mit dem Bau der *Pflanzenkulturrhalle* (PKH) ist die Forschungsinfrastruktur entscheidend verbessert worden. Kulturpflanzen können unter determinierten Umweltbedingungen mittels innovativer Phänotypisierungsanlagen untersucht werden. Bei dem Gebäude mit sehr hohem Technikanteil handelt es sich um einen bislang einzigartigen Experimentalbau, für dessen Planung und Ausgestaltung nicht auf vorhandene Standards zurückgegriffen werden kann. Nach Einreichung eines umfangreichen Änderungsantrags im Frühjahr 2015 und dessen positiver baufachlichen Prüfung im Juni 2015 wurde Anfang September 2015 die komplette Errichtung der PKH mit Gesamtkosten von bis zu 7,799 Mio. EUR genehmigt. Die Leistungen für die Errichtung der Gebäudehülle wurden

in 2014/2015 ausgeführt und fertiggestellt. Ende 2015 konnten die europaweiten Vergabeverfahren eingeleitet werden. Mit der Ausführung der technischen Gewerke wird im Anfang 2016 begonnen. Die schrittweise Inbetriebnahme der PKH und Übergabe an den Nutzer wird voraussichtlich ab Juli 2016 erfolgen.

Umbau und Erweiterungen der Wärmeverteilerstationen dienen der Optimierung der Steuerung der Wärmeversorgung sowie der Sicherstellung der Wärmeversorgung der Pflanzenkulturhalle. Die Leistungsdurchführung wurde im Oktober 2014 begonnen und wie geplant im Frühjahr 2015 abgeschlossen.

Um dem gestiegenen Bedarf an wettergeschützten Lager-, Trocknungs- und Unterstellflächen für Substrate, Maschinen und Geräte für die Versuchsfeldbearbeitung zu entsprechen, wurde im August 2014 mit dem Bau einer an drei Seiten geschlossenen Lagerhalle (Gebäude 1609) begonnen. Das Gebäude mit ca. 550 m² Fläche wurde im Februar 2015 den Nutzern übergeben.

Seitens des Zuwendungsgebers wurde der Raumbedarf des IPK mit 25.397 m² Hauptnutzungsfläche (HNF) als begründet anerkannt und genehmigt. Eine erste gebäude- und nutzerbezogene Übersicht wurde dem Ministerium für Wissenschaft und Wirtschaft des Landes Sachsen-Anhalt (LSA) im August 2014 übersandt. Darin enthalten sind auch die sanierungsträchtigen Gebäude 1606 bis 1608 auf dem Wirtschaftshof. Um diese Gebäude wieder nutzen zu können, sind zukünftig Teilsanierungen geplant. Im Oktober 2014 wurde mit der Dachsanierung der Gebäude begonnen und im Februar 2015 abgeschlossen. Zudem besteht die Notwendigkeit der Etablierung einer Saatgutaufbereitung, welche ebenfalls im Bereich der Wirtschaftsanlagen untergebracht wird. Die Planungen wurden im Jahr 2015 begonnen. Die Fertigstellung der Maßnahme mit einem Finanzvolumen von ca. 900 TEUR soll rechtzeitig bis zur nächsten Ernteperiode, die im Juli 2016 beginnt, erfolgen.

Am 30. Juni 2014 erfolgte der Besitzübergang des Gebäudes des Unternehmens *SunGene* an das IPK. Zur Anpassung an die Nutzungserfordernisse der wissenschaftlichen Arbeitsgruppen wurden Umbaumaßnahmen sowie für die Einrichtung einer neuen IT-Technikzentrale beschlossen. Nach Festlegung der zukünftigen Raumnutzungen erfolgte im 4. Quartal 2015 die öffentliche Ausschreibung der Leistungen. Mit der Leistungsdurchführung wird im Januar 2016 begonnen. Eine Nutzung der Räumlichkeiten ist in mehreren Übergabeabschnitten ab Mai 2016 vorgesehen. Für die Realisierung dieser Maßnahmen sind Kosten von rund 1 Mio EUR veranschlagt.

Im Mai 2014 wurde ein Rollgewächshaus mit einer Gesamtfläche von 600m² zur Nutzung übergeben. In diesem für rund 270 TEUR errichteten Gewächshaus können Trockenstress-Experimente unter Feldbedingungen durchgeführt werden.

Im Phytokammernhaus I (Kammer 18) wurde im 4. Quartal 2015 mit der Umrüstung der Beleuchtungstechnik auf LED begonnen. Mit dieser Maßnahme soll für rund 200 TEUR eine deutlich energieeffizientere und flexiblere Beleuchtung zur Verfügung gestellt werden, die den Ansprüchen der wissenschaftlichen Versuchsplanungen besser entspricht.

Versuchsfeld und Gärtnerei

Der erheblich gestiegene Umfang der Feldversuche erforderte die durch Pflugtauschvereinbarungen und Pachtverträge abgesicherte Nutzung zusätzlicher Ackerflächen außerhalb des Institutsgeländes. Um langfristig in ausreichendem Umfang Feldversuchsflächen bereitstellen zu können, werden sukzessive Flächen für die Nutzung eines 12 ha großen Areals hinzugekauft. 2015 konnte eine erste Teilfläche erworben werden.

Um die umfangreichen Feldversuche effektiv bewirtschaften zu können, wurde die Ausstattung mit Feldversuchstechnik weiter verbessert. Ein Parzellenmähdrescher ermöglicht eine automatische Gewichts- und Feuchtigkeitserfassung der geernteten Versuchspartien. Zwei Versuchsdrillmaschinen und ein Geräteträger mit automatischem Lenksystem erlauben die GPS-gesteuerte Aussaat von Feldversuchen. Mit einer speziellen Software können die Versuche vorgeplant und in die Maschinen eingelesen werden.

Durch den Erwerb des ehemaligen Laborgebäudes und des Gewächshauses der *SunGene* GmbH konnte die Ausstattung an Gewächshaus- und Phytokammerfläche verbessert werden. Im Gewächshaus stehen in 11 Kabinen 225 m² Pflanzenstellfläche zur Verfügung. Die Flächen sind mit Rolltischen, Schattierung, Zusatzbeleuchtung und Kühlung hochwertig ausgestattet. Im Laborgebäude können drei zusätzliche Phytokammern mit 11,5 m² Fläche genutzt werden.

Informationstechnologie

Für alle Forschungsaufgaben und forschungsunterstützenden Aufgaben ist eine leistungsfähige IT-Infrastruktur unverzichtbar. Zentrale IT-Dienste müssen permanent und in hoher Qualität verfügbar sein. Das IPK hat im Berichtszeitraum seine IT-Infrastruktur – großenteils finanziert in einem Sondertatbestand *IT-basierte Forschungsinfrastruktur* – rundum erneuert. In den drei zentralen Kernbereichen der IT-Infrastruktur – Netzwerk, Server und Speicher – wurden wichtige Investitionen vorgenommen.

Die Campus-Verkabelung der 1. Generation wurde durch eine aktuelle LWL-Verkabelung erneuert, die höhere Datenraten ermöglichen. Auf dieser Basis wird nun eine LAN-Vernetzung mit 10 Gigabit/s und mehr zwischen allen Gebäuden ermöglicht. Die aktive Netzwerktechnik wurde neu beschafft und wird bis Mai 2016 in Betrieb genommen.

Als zentrale Rechen-Infrastruktur sind inzwischen zwei autonome, leistungsfähige Virtualisierungs-Cluster in Betrieb, die die technische Plattform für eine unterbrechungsfreie Verfügbarkeit wichtiger IT-Services auch im Wartungs- oder Havariefall ermöglichen.

Die zentralen Datenspeicher wurden auf eine leistungsfähigere Systemgeneration erneuert, um mehr Datenspeicher, eine höhere Performanz und einen unterbrechungsfreien Betrieb zu erreichen.

Um mittel- und langfristig über eine geeignete, den aktuellen Erfordernissen gerechte Arbeitsumgebung für die IT-Technik im IPK zu verfügen, wurde ein neuer zentraler Serverraum geplant und befindet sich zur Zeit im Bau (Fertigstellung Mitte 2016). Dadurch wird die Basis geschaffen, die Verfügbarkeit der IT-Services weiter zu erhöhen und flexibel auf zukünftige wissenschaftliche Anforderungen reagieren zu können.

Wissenschaftliche Bibliothek

Die Wissenschaftliche Bibliothek des IPK, die seit August 2015 wieder als selbstständige Arbeitsgruppe geführt wird, verfügt über einen Bestand von derzeit 81.080 Medieneinheiten zu den Sammelschwerpunkten Molekularbiologie, Pflanzengenetik, Zytologie, Taxonomie und Kulturpflanzenforschung.

Durch die Teilnahme an Leibniz-Konsortien bietet die Bibliothek trotz jährlicher Preissteigerungen den Wissenschaftlern ein breites Zeitschriftentitelangebot.

Mit dem Erwerb der Allianzlizenz für das Online-Paket *Life Sciences* des Oxford Verlages sind weitere 46 Titel online verfügbar. Hiervon profitieren auch externe Nutzer.

Der Bibliotheksbestand ist im *Gemeinsamen Bibliotheksverbund* (GBV) sowie in den virtuellen Fachkatalogen (ViFaBio und LIVIVO) bibliographisch nachgewiesen, womit die IPK-Bibliothek ihren Beitrag zur regionalen und überregionalen Literaturversorgung leistet.

Tab. 8 Leistungen der Wissenschaftlichen Bibliothek des IPK

Leistung	2014	2015
Medieneinheiten	80.556	81.080
Zugang Monographien	231	216
Zeitschriftenabonnements	652	710
aktive Nutzer	870	876
interne Ausleihen	5.173	4.240
interner Umlaufdienst	2.558	2.125
Serviceleistungen *	1.773	1.644
Passiver Leihverkehr (Nehmende FL)	1.009	807
Aktiver Leihverkehr (Gebende FL)	1.041	1.064

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

Um die *Leitlinie zu Open-Access in der Leibniz-Gemeinschaft* umzusetzen, wurde eine Open-Access-Publikationsstrategie verabschiedet sowie ein zentraler Publikationsfonds eingerichtet. Damit wird Transparenz hergestellt und allen Autorinnen und Autoren der Zugang zur Publikation im Open-Access-Verfahren zu ermöglichen.

Tab. 9 Verteilung der Open-Access Publikationen

	2014	2015
Publikationen in genuinen Journalen	51	41
Publikationen in hybriden Journalen	30	41

Abteilung Genbank

Leiter: Prof. Dr. Andreas Graner

Department of Genebank

Head: Prof. Dr. Andreas Graner

Allgemeine Forschungsziele

Die *bundeszentrale ex situ-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbau-liche Kulturpflanzen* zählt zu den weltweit größten Einrichtungen ihrer Art. Zentrale Aufgaben sind der Erhalt der Sammlung, die Bereitstellung pflanzengenetischer Ressourcen sowie der Ausbau der digitalen Informationsangebote, mit dem Ziel, ein biologisch-digitales Ressourcencentrum zu entwickeln. Die Arbeiten in den drei Forschungsbe-
reichen liefern wesentliche Beiträge zu den beiden ins-
titutsweiten Forschungsschwerpunkten *Erschließungs-
konzepte für pflanzengenetische Ressourcen* sowie *Genomdiversität und Evolution*.



General Research Goals

The *Federal ex situ Gene-
bank for Agricultural and
Horticultural Crops* is one
of the world's leading ins-
titutions of its kind. Its key
mandate areas are the pre-
servation of the germplasm
collection, the supply of
crop genetic resources and
the establishment of digiti-
zed data aimed at develo-
ping a bio-digital resource
centre. Activities in these
three research areas con-
tribute significantly to the
two cross-departmental re-
search priorities *Valorisation of Plant Genetic Resources*
and *Genome Diversity and Evolution*.

Entwicklungen im Berichtszeitraum

Die Genbank stellt das zentrale Strukturelement der Abteilung dar. Mit dem Erhalt und der Charakterisierung des Sammlungsbestands werden wichtige Beiträge zum Erhalt der biologischen Vielfalt geleistet. Die vielfältigen Zusammenarbeiten auf euro-
päischer Ebene wurden im Jahr 2014 durch die Übernahme der Verantwortung für den Betrieb und die Weiterentwicklung des *European Search Catalog for Plant Genetic Resources* (EURISCO) weiter vertieft. Diese Datenbank stellt ein wichtiges Instrument zur Erhaltung und Nutzbarmachung genetischer Ressourcen dar.

Sammlungsmanagement

Der Bestand der *bundeszentralen ex situ-Genbank* umfasst 150.777 Akzessionen aus 3.161 Arten und 763 Gattungen. Der Erhalt der Sammlung erfolgt in Gatersleben und den beiden Au-
ßenstandorten Malchow (Öl- und Futterpflanzen) und Groß Lü-
sewitz (Kartoffelsortimente). Neben den Lebendsammlungen verfügt die Genbank über ein Herbarium mit über 432.000 Be-
legen, über 105.000 Referenzmustern von Samen und Früchten sowie von 55.000 Getreideähren. In den beiden vergangenen Jahren wurden insgesamt 71.388 Muster abgegeben. Damit hat die Genbank seit 1952 insgesamt 965.698 Muster an Nut-

Developments in 2014/2015

The Gene Bank represents the core of the department. Both the maintenance and characterisation of the collection make a significant contribution to the conservation of biological di-
versity. Multilateral collaborations at the European level have been enhanced during 2014 by taking on responsibility for the operation and the further development of the *European Search Catalog for Plant Genetic Resources* (EURISCO). This data-
base represents an important means for preserving and utili-
sing genetic resources.

Management of the collection

The *Federal ex situ Genebank* houses 150,777 accessions re-
presenting 3,161 species and 763 genera. It is maintained at three sites: the main site at Gatersleben and the two satellite locations at Malchow (oilseed and forage plants) and Gross Lü-
sewitz (potatoes). In addition to the living collection, the Gene Bank also maintains a herbarium, in which over 432,000 vou-
cher specimen are preserved, along with over 105,000 referen-
ce seed and fruit samples, and 55,000 cereal ears. During the past two years 71,388 samples have been distributed. Thus, since 1952, the total number of samples supplied to a variety of both national and international users amounts to 965,698.

zer im In- und Ausland bereitgestellt. Eine Zusammenstellung des Sortimentsbestände und der Abgaben ist der Tabelle 10, S. 32 zu entnehmen.

Forschung

Die Abteilung ist in drei Forschungsbereiche gegliedert. Im Forschungsbereich *Taxonomie und Evolution* konzentrieren sich die Arbeiten auf die Untersuchung von Artbildungsprozessen und die Aufklärung taxonomischer Beziehungen innerhalb ausgewählter Pflanzengattungen. Im Zentrum steht die Gattung *Hordeum*, die durch eine große evolutionäre Vielfalt bezüglich der Genomgröße gekennzeichnet ist. Die Sequenzierung definierter Genregionen lieferte erstmalig eine kohärente Phylogenie aller diploiden und polyploiden *Hordeum*-Arten. Hieraus konnten wichtige Erkenntnisse zu ihrer Entstehungsgeschichte und zur Erforschung der Anpassungsmechanismen abgeleitet werden. Für Einzelheiten zu diesen und weiteren Forschungsarbeiten wird auf den Bericht der Ag ETX verwiesen.

Der Forschungsbereich *Charakterisierung und Dokumentation* befasst sich mit der Untersuchung von Genbankmaterial auf DNA-Ebene sowie mit der Entwicklung und Pflege von Datenbanken zur Speicherung und Bereitstellung genbankbezogener Daten. Wichtige Voraussetzung für die verbesserte Nutzbarmachung genetischer Ressourcen sind Informationen zur genetischen Struktur von Teilsammlungen sowie zu Genen, die an der Ausprägung agronomischer Merkmale beteiligt sind. Entsprechende Forschungsarbeiten konzentrieren sich auf Merkmalskartierung und Genklonierung bei Gerste und Weizen im Hinblick auf Resistenzen gegen den *Barley Yellow Mosaic*-Viruskomplex, der Entwicklung vegetativer Biomasse, sowie von Toleranz gegen abiotische Stressfaktoren und werden in den Ags GED sowie RGR durchgeführt.

Wegweisende Durchbrüche wurden durch den Einsatz neuer Sequenzierungsstrategien und Assemblierungsverfahren auf dem Weg zu der Erstellung von Referenzsequenzen für die tetra- und hexaploiden Genome von Weizen sowie für das Gerstengenom erzielt. Die Verfügbarkeit von Referenzsequenzen für Nutzpflanzengenome bildet den Ausgangspunkt für die systematische Re-Sequenzierung umfangreicher Genbankkollektionen. Ein erster Schritt in diese Richtung wurde mit der Aufnahme der Arbeiten zur systematischen, sequenzbasierten Genotypisierung der gesamten Gerstenkollektion am IPK getätigt. Neben der Genbank (Ag GED, RGR, DOK) sind an diesem zentralen Projekt auch Gruppen aus der Abt. Züchtungsforschung (Ag QG, BIT) sowie die unabhängige Ag DG beteiligt.

Die Forschungsarbeiten im Bereich *Management und Evaluation* zielen auf die weitere Verbesserung der Erhaltung vegetativ bzw. generativ vermehrter Sammlungsmuster ab. Im Hinblick auf Erstere wurde neben dem Ausbau der Kryosamm-

Detailed information on the collection and the distribution of accessions is given in Table 10.

Research

The department is organised into three research areas. The programme *Taxonomy and Evolution* studies speciation and seeks to clarify taxonomic relationships within selected plant genera. The major focus is on the genus *Hordeum*, which varies with respect to ploidy. The sequencing of defined gene regions has for the first time produced a coherent phylogeny of all diploid and polyploid *Hordeum* species. The analysis has allowed some important insights into speciation and the mechanisms underlying genomic adjustment. For further details of this and other research projects, please refer to the report provided by the ETX research group.

The programme *Characterization and Documentation* is devoted to the characterisation of Gene Bank material at the DNA sequence level, and with the development and management of databases used to store these data and to facilitate their retrieval. Two important requirements in seeking to improve the utilisation of genetic resources are first the acquisition of information regarding the genetic structure of the various sub-collections, and second an understanding of the genes involved in the determination of agronomic traits. Related research activities focus on trait mapping and gene cloning in barley and wheat, in particular with respect to resistance against *Barley Yellow Mosaic Virus*, to the development of vegetative biomass and to tolerance to various abiotic stress factors. Pertinent studies are undertaken by the GED and RGR research groups.

Pioneering breakthroughs have been achieved by the implementation of novel strategies for sequencing and sequence assembly, leading to the elaboration of reference sequences for both tetraploid and hexaploid wheat and for barley. Acquiring a reference genome sequence provides the starting point for resequencing of large Gene Bank collections. Initiating the systematic sequencing-based genotyping of the entire IPK barley collection represents a first step in this direction. This core project involves, in addition to the three Gene Bank research groups GED, RGR and DOK, two groups within the *Breeding Research Department* (research groups QG and BIT) and the independent research group DG.

Research under the theme *Management and Evaluation* aims to improve the means to conserve non-seed-propagated materials. The potato cryo-collection has been expanded, and at the same time protocols for the cryopreservation of selected plant species have been optimized (IVC); meanwhile, molecular-based means of describing genetic diversity and identifying duplicates has been carried out by the TEN research group. The viability of seed is influenced by a combination of endogenous

lung von Kartoffel an der Optimierung der Kryokonservierung für ausgewählte Pflanzenarten (Ag IVC) sowie an der molekularen Analyse zur Beschreibung der genetischen Diversität und zur Identifizierung von Duplikaten (Ag TEN) gearbeitet. Der für samenbürtige Arten erforderliche Erhaltungsaufwand stellt unter anderem eine Funktion der maximalen Einlagerungsdauer von Saatgut dar. Diese ist das Ergebnis des Zusammenwirkens einer Vielzahl innerer und äußerer Faktoren. Hierbei konnten mit Hilfe genetischer und biochemischer Analysen wichtige Erkenntnisse zur Langlebigkeit von Saatgut bei Getreide und Raps sowie erste Hinweise auf beteiligte Gene gewonnen werden (Ag RGR).

and exogenous factors. Genetic and biochemical analyses have generated a number of important insights regarding the longevity of cereal grains and oilseed rape seed, and have provided some early indications of the genes involved (RGR research group).

Tab. 10 Übersicht zum Bestand und den Abgaben der Genbank nach Fruchtarten/
Overview of collection and transfers from the Gene Bank by crop species

Sortimente	Assortments	Bestand/ Accessions	Abgaben/Distribution 2014 2015	
Getreide und Gräser	Cereals and Grasses	65894	8095	16007
Weizen	wheat	28130	5106	6526
Gerste	barley	23676	1206	6732
Hafer	oat	4842	308	170
Roggen	rye	2415	182	360
Triticale	Triticale	1591	41	95
Mais	maize	1529	206	532
<i>Aegilops</i>	<i>Aegilops</i>	843	191	210
Hirsen	millet	1539	488	935
Sonstige Gräser	other grasses	1329	367	447
Leguminosen	Legumes	27904	3586	5521
<i>Phaseolus</i>	<i>Phaseolus</i>	9007	1661	2253
Erbsen	pea	5308	283	647
Ackerbohnen	field beans	3136	144	340
Lupinen	lupines	2769	233	1004
Wicken	vetches	1858	370	214
Kleearten	clover species	1932	244	221
Sojabohnen	soybeans	1492	205	300
Bohnen-Sonderkulturen	other beans	620	85	231
<i>Lathyrus</i>	vetchling	516	132	80
Kichererbsen	chickpea	527	40	35
Linsen	lentils	460	130	83
Sonstige	others	279	59	113
Cucurbitaceae	Cucurbitaceae	2657	1042	1550
Kürbisse	pumpkins	1070	453	524
Melonen	melons	725	178	347
Gurken	cucumbers	708	317	509
Sonstige	others	154	94	170

Sortimente	Assortments	Bestand/ Accessions	Abgaben/Distribution 2014 2015	
Gemüse (+Rüben)	Vegetables	18454	7546	8432
Tomaten	tomatoes	3676	1402	1666
<i>Allium</i>	<i>Allium</i>	2906	329	589
<i>Beta</i>	<i>Beta beets</i>	2295	562	472
<i>Brassica</i>	<i>Brassica</i>	2176	1154	1460
Paprika	pepper	1531	1069	1386
Salat	lettuce	1124	325	501
<i>Quinoa</i>	<i>Quinoa</i>	953	424	240
<i>Raphanus</i>	<i>Raphanus</i>	752	303	404
Zichorie	chicory	686	116	156
Möhren	carrots	492	430	347
Sellerie	celery	252	136	110
Spinat	spinach	214	171	85
Sonstige	others	1397	1125	1016
Öl-, Faser-, Farbpflanzen	Oil, Fibre, Dye Plants	5489	1070	2155
Lein	flax	2321	62	174
Sonnenblumen	sunflower	685	148	102
Ölpflanzen	oil plants	553	289	828
Farbpflanzen	dye plants	463	318	551
Faserpflanzen	fibre plants	190	105	319
Sonstige	others	1277	148	181
Arznei-, Gewürzpflanzen	Medicinal, Spice Plants	8216	2876	3700
Mohn	poppy	1140	71	128
Tabak	tobacco	590	179	227
Sonstige	others	6486	2626	3345
Mutanten	Mutants	1724	116	87
Soja	soybean	535	12	0
Tomaten	tomato	744	79	81
<i>Antirrhinum</i>	<i>Antirrhinum</i>	445	25	6
Kartoffeln	Potatoes	6158	5179	1325
Öl- und Futterpflanzen	Oil and Forage Crops	14281	1677	1424
Gräser	grasses	10458	668	525
Raps und Futterkohl	rapeseed, feeding kale	2516	837	828
Rotklee und Luzerne	red clover, alfalfa	1307	172	71
Gesamt/Total		150777	31187	40201

Research Group **Genome Diversity (GED)**

Head: Prof. Dr. Andreas Graner/Dr. Nils Stein



keywords

Barley
Genome analysis
Genome Sequencing
Precision Phenotyping
Trait mapping
Wheat

scientists

Sidram Dhanagond
Lisa Eichel
Dr. Axel Himmelbach
Parastoo Hoseinzadeh
Dr. Matthias Jost
Dr. Benjamin Kilian
Dr. Andriy Kochevenko
Dr. Mingjiu Li
Dr. Kerstin Neumann
Katja Perner
Rajiv Sharma
Celestine Wabila
Dr. Neele Wendler
Dr. Ping Yang
Dr. Ruonan Zhou

We leverage the potential of genomics for the valorization of plant genetic resources of agronomically important *Triticeae* species and focus on the development of genomics based resources and their application to map and characterise agronomic traits along with the isolation and functional characterisation of the underlying genes. To understand the impacts of evolution and domestication and to pave the way for the targeted exploitation of natural genetic diversity hosted in the *Federal ex situ Genebank* genome diversity is studied at the structural and functional level.

Sequencing the genomes of wheat and barley. The group is leading the international effort of sequencing the barley genome. Together with two IPK research groups (BIT, DG) and external collaborators (FLI Jena, HMGU Munich) a reference sequence of three of the seven barley chromosomes was developed. Based on the establishment of *3D Conformation Capture Sequencing* (HiC/TCC) we could generate scaffolding information for the barley genome sequence which allowed a complete ordering of the sequence information of all seven barley chromosomes into pseudomolecules. This provides the basis for the final assembly and annotation of the barley reference sequence by the *International Barley Sequencing Consortium* (IBSC).

In a joint effort with BIT, partners from IBSC and the Joint Genome Institute (JGI, USA) *Whole Genome Shotgun Sequencing* (WGS) of a wheat population yielded some 12 million *Single Nucleotide Variation* (SNV) markers which were utilised to genetically anchor

Chromosome Survey Sequencing (CSS) assemblies of the 21 wheat chromosomes generated by the *International Wheat Genome Sequencing Consortium* (IWGSC 2014) as well as a new de novo WGS assembly derived from a synthetic wheat variety (Chapman et al. 2015). Since summer 2015, a collaborative project is coordinated by Nils Stein and involves IWGSC members and additional partners (Illumina, NRGene) with the aim to generate a high quality de novo WGS assembly of the genome of cv. *Chinese Spring*, supporting the generation of a reference sequence of the wheat genome. Similar to barley, HiC/TCC sequencing was established for tetraploid wild emmer as well as hexaploid bread wheat to assist scaffolding of sequence assemblies into pseudomolecules.

The availability of information on the structure and diversity of plant genomes will greatly benefit the informed utilisation of genetic resources. Based on the published draft genome sequence of barley and exploiting

information on all annotated exons a target enrichment assay (exome capture) was developed together with the company *Roche Nimblegen* and IBSC partners. Using this tool, the sequence diversity in 150 barley landraces and cultivars and about 90 wild barleys was surveyed providing new insights into the interplay of genetic diversity and geographic adaptation. On a much larger scale a collaborative *Genotyping-by-Sequencing* (GBS) approach was initiated together with IPK groups RGR, BIT, DG and DOK to systematically survey the genetic diversity of all ca. 20,000 barley accessions of the IPK collection. The sequence data will be integrated in a data warehouse to facilitate their systematic retrieval, analysis and integration with related information such as passport and phenotypic data.

Trait mapping and gene discovery. In order to exploit the genetic diversity of barley for trait mapping the existing mapping panel of 200 spring barley genotypes, which has been widely used for genome wide association mapping of various traits, was complemented by a panel comprising purified lines selected from more than 400 spring barley landraces originating from Europe, North

Africa and West Asia (Pasam et al. 2014). In combination with the application of novel imaging technologies the populations are being used for the genetic analysis of spatio-temporal patterns of vegetative biomass formation (Neumann et al. 2015). Novel approaches were developed for gene isolation in barley by combining bulked-segregant analysis with high-throughput next generation sequencing. In this way, a gene underlying a variant plastochron phenotype (Mascher et al. 2014) as well as a quantitatively inherited factor influencing flowering time (Pankin et al. 2014) could be isolated. This approach also facilitates cloning of genes situated in low-recombining pericentromeric regions as was exemplified by the isolation of the gene *lax-a*. To unlock the secondary gene pool of barley alien introgressions of *Hordeum bulbosum* chromatin into *H. vulgare* genotypes were genetically characterised employing exome capture- and GBS-based resequencing strategies (Wendler et al. 2014, 2015). As a result, an atlas of 146 introgressions was developed that delimits the size and position of introgressed fragments at high genetic and physical resolution and represents a cornerstone for further trait analysis (Fig. 7).

highlights

Pourkheirandish M. et al. Evolution of the Grain Dispersal System in Barley. *Cell* (2015) 162:527-539.

The International Wheat Genome Sequencing Consortium. A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science* (2014) 345:10.1126/science.1251788.

Neumann K et al. Dissecting spatio-temporal biomass accumulation in barley under different water regimes using high-throughput image analysis, *Plant Cell Environment* (2015) 38: DOI: 10.1111/pce.12516.

August 2015 Nils Stein was awarded Adjunct Professor in the School of Biological Sciences, University of Western Australia

Strategic Grants: Leibniz-Pakt für Forschung und Innovation (BRIDGE) and BMEL (WHEATSEQ)

funding

BMBF, BMEL, DFG, Leibniz

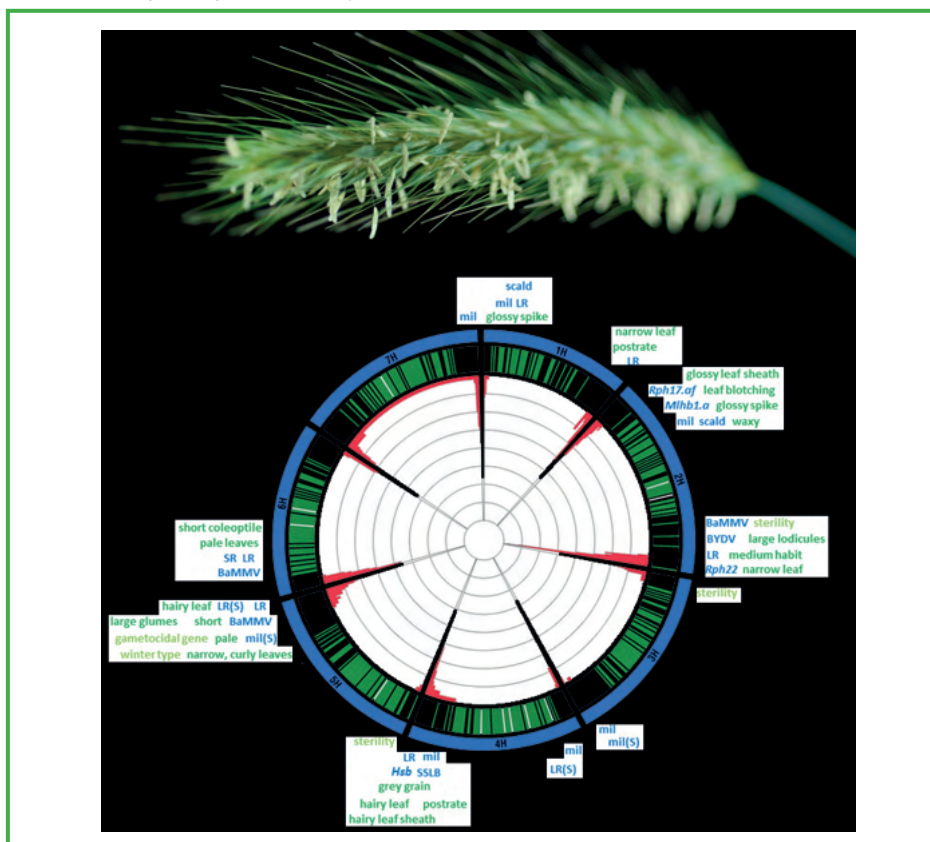


Fig. 7 Characterisation of *H. bulbosum* / *H. vulgare* introgressions by high-throughput sequencing.

The upper panel shows a *H. bulbosum* spike at flowering stage. The lower panel shows the summary of GBS analysis of 146 *H. bulbosum* / *H. vulgare* introgression lines. The genomic locations of the individual introgressions were determined by SNV frequency analysis of introgression lines compared to their recurrent *H. vulgare* genotypes. The outer ring of the circular diagram shows the seven barley chromosomes as blue bars. The red histograms pointing to the center of the circle summarize the frequency by which introgressions were found on individual chromosome arms of barley.

Research Group **Genebank Documentation (DOK)**

Head: Dr. Helmut Knüpfper



keywords

Documentation

EURISCO

Genebank Information System
(GBIS)

Plant genetic resources (PGR)

The activities of the research group cover different aspects of dealing with historical and current data of the Genebank. We focus on all kinds of support and development of the **Genebank Information System (GBIS)** and the **European Search Catalogue for Genetic Resources (EURISCO)**. In addition, we assist other groups with advice and a helping hand in the use of Gene Bank-related databases. We aim at continuously processing and analysing PGR related data, and are involved in international collaborations regarding PGR documentation and biodiversity informatics.

scientists

Dr. Cong Khac Dung

Dr. Khoulood Kywan

Markus Oppermann

Michael Ulrich

Dr. Stephan Weise

The maintenance and development of the GBIS is one of the research group's core activities. GBIS consists of an internal sub-system for genetic resources management (GBIS/M) and an external one (GBIS/I) that allows users to search for Gene Bank accessions and to order them. GBIS is continuously being developed and completed within projects with involvement of stakeholders. The GBIS/M project *In vitro Management* was successfully completed in 2014. The GBIS/M project *Specimen and Document Management* has largely been completed; solutions from the DFG project *Herbarium Digitization* were also integrated. Currently, the introduction of a handling fee for Gene Bank material requests is being implemented in both GBIS/I and GBIS/M; the completion of this task is anticipated for spring 2016. A concept for the technological unification and renewal of the subsystems GBIS/M and GBIS/I is in progress.

Since April 2014, the research group is hosting and developing EURISCO (funded by the *European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources*, ECPGR). The solutions developed at the previous host, *Biodiversity International* (Rome), were re-engineered, and are being improved and extended continuously. The system went online at IPK in September 2014 (Fig. 8). Currently, 43 countries provide data to EURISCO, comprising about 1.8 million accessions of plant genetic resources maintained in European collections. An extension for handling characterisation and evaluation (C&E) data is presently being developed. In May 2015, a EURISCO training workshop with international participation was organised in Tirana, Albania.

Within the three-year DFG-funded project *Digitisation and Indexing of the IPK Herbarium* (cooperation with ETX), the group developed the necessary IT components for managing the scanned images and the label information, and for providing the information online

via the JACQ database of the *Virtual Herbaria* project. The scanned images are also accessible via GBIS/M.

Besides GBIS/I, passport data of the Gene Bank are made available for EURISCO, PGRDEU (the German national inventory) and GBIF (*Global Biodiversity Information Facility*).

As a highlight, an article analysing for the first time the historical evaluation data of genebank material was published (Keilwagen et al. 2014). As a result of the analysis, a few contrasting wheat accessions were selected whose resequencing led to nearly doubling the number of hitherto known alleles for the flowering time locus Ppd-D1 (GED and JKI).

In addition, the research group manages or hosts the following international databases:

- *Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Crops* (Mansfeld database);
- *European Barley Database* (ECPGR),
- *European Poa Database* (ECPGR),
- *European Allium Database* (since 2013) (ECPGR).

Finally, the database and web application for managing and accessing the measurements from the IPK weather station are maintained in the research group.

highlights

The GBIS/I module for supporting *in vitro*-preservation of plant genetic resources was completed.

EURISCO, the European Search Portal for Plant Genetic Resources, was transferred to IPK in 2014, re-engineered and made online accessible.

The IT component of a DFG-funded project for digitizing the IPK herbarium was successfully completed.

An article analysing for the first time the historical evaluation data of genebank material was published (Keilwagen et al. 2014).

funding

ECPGR, DFG, Leibniz

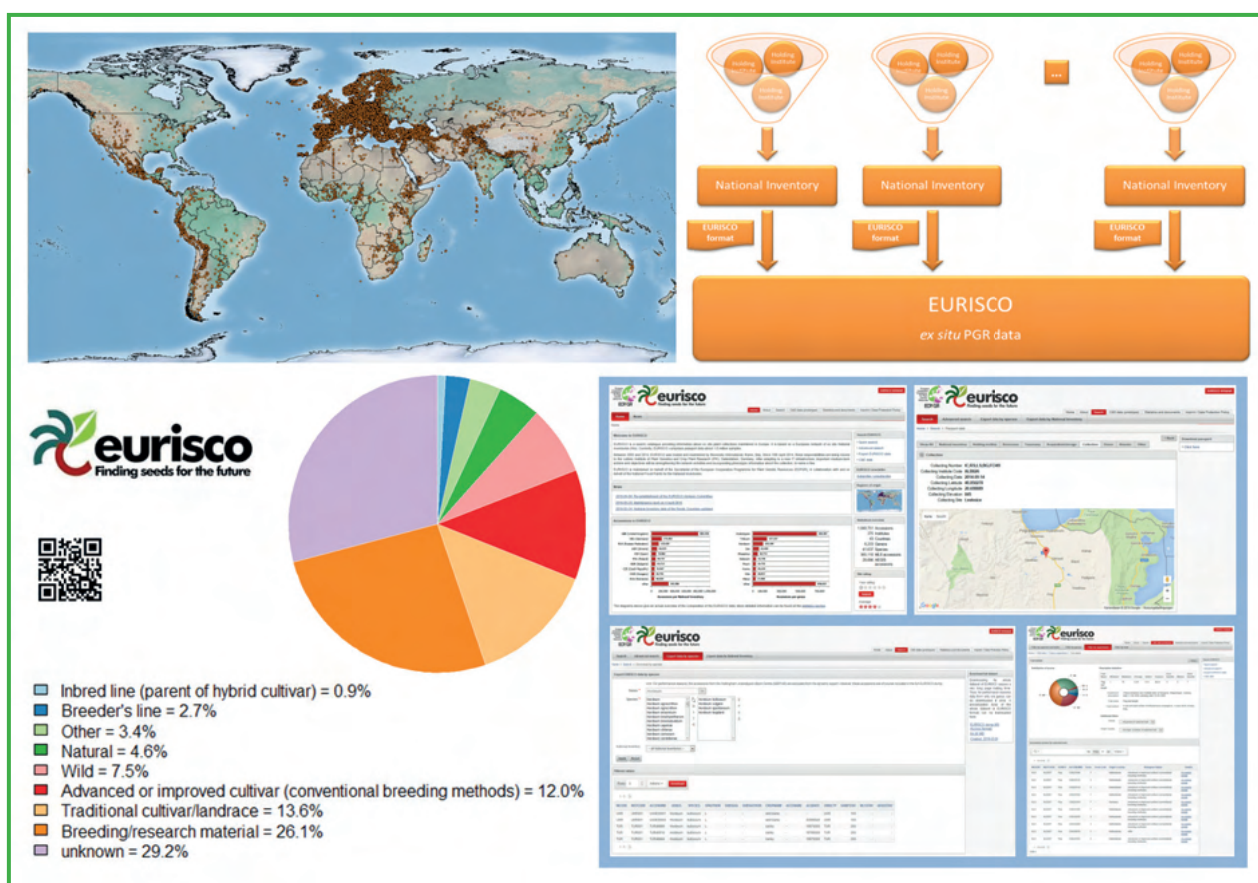


Fig. 8 The European Search Portal for Plant Genetic Resources, EURISCO. The figure shows (from top left to bottom right) the regions of origin of EURISCO accessions, the process of data acquisition through *European National Inventories*, the composition of EURISCO accessions by their biological status, and screenshots illustrating the EURISCO web interface (<http://eurisco.ecpgr.org>) developed at IPK.

Research Group **Resources Genetics and Reproduction (RGR)**

Head: PD Dr. Andreas Börner



keywords

Abiotic stress
Characterisation and evaluation
Genetic mapping
Long-term seed storage
Reproduction of Gene Bank
collections
Seed longevity

scientists

Monika Agacka-Motloch
Dr. Fernando Arana-Ceballos
Dr. Ulrike Lohwasser
Mai Allam
Dr. Manuela Nagel
Rasha Tarawneh
Dr. Natalia Tikhenko

The group is responsible for the management of the Gene Bank collection at Gatersleben, which entails the long-term storage, multiplication and distribution of the germplasm. We focus seed longevity but also germplasm evaluation and genetic characterisation. In cereals, a number of bi-parental mapping populations and association mapping panels have been established to allow for the genetic analysis of various traits. In addition to genetic studies, seed material is also used for various physiological and biochemical surveys in collaboration with internal and external partners.

The total number of accessions maintained at the Gatersleben site comprises 130,338 samples. Safety duplicates for 42,414 accessions (about 28% of the whole collection) are kept at the *Global Seed Vault*, Svalbard, Norway. In the reporting period 15,197 germination tests have been performed and 61,783 accessions have been distributed. During the regeneration seasons 2013/2014 and 2014/2015 totals of 9,824 and 10,346 accessions were cultivated, respectively, including 830 and 1,114 samples grown for evaluation only (supported by the group *Experimental Fields and Nurseries*).

Research on seed longevity as the main focus of the group was continued. Within the frame of an EU project a spring barley association mapping panel consisting of 184 genotypes, originally chosen according to a broad distribution of germinations (2-97%) after 40 years storage, was analysed for dormancy release (Fig. 9). The trait was significantly affected by the year of multiplication and storage conditions.

The genetic studies on seed longevity in *Brassica napus* were pursued. QTL mapping was performed using a doubled haploid population consisting of 122 lines harvested in three seasons. The seed sets were investigated for seed vigour after different years of ambient storage and different periods of experimental ageing. Many QTL were specific to one harvest and/or seed treatment but also common QTL were detected.

Seeds of a bi-parental wheat mapping population which had been either aged artificially or had been stored long term were investigated in order to further reveal whether results recorded after experimental ageing are really comparable with those obtained after natural ageing. Considering both a correlation analysis and QTL mapping data one can conclude that the predictive power of induced ageing for long term storage seems to be rather low. Distinct loci are responsible at different ageing environments. In addition to the ageing treatments the growing conditions of the

mother plants clearly have a major effect on seed longevity.

In cooperation with the HET research group mass spectrometry based untargeted metabolite profiling experiments were performed in order to detect biochemical changes coinciding with loss in seed germination. Long term stored wheat and barley accessions were investigated. GC-MS analysis of the polar metabolome of these populations identified glycerol and related intermediates as highly correlated to germination rate. Following the interpretation that lipid degradation events might have contributed to an accumulation of glycerol and derivatives in the seeds with low germination frequency, the lipidomic composition of the wheat panel was investigated using high-resolution liquid chromatography-mass spectrometry. From 26,000 chromatographic features (m/z), 650 were positively correlated to germination rate (max $R = 0.77$) and 3,600 were negatively correlated (max $R = -0.89$). Approx. 7000 features could be annotated to a lipid sum formula based on their accurate mass (allowing 1 ppm tolerance) and isotope pattern. Membrane lipids like galactosyl-lipids and phospholipids were found to be positively correlated to seed germination, while their degradation intermediates like phosphatidic acid, lysophosphatidic acid, diacylglycerols and fatty acids are negatively correlated, linking seed viability to membrane integrity. A high proportion of tentative oxidized lipids was detected, suggesting lipid oxidation as the causal trigger for membrane degradation.

Research to improve the utilisation of Gene Bank collections is focused on agronomic traits of cereals with major emphasis on abiotic stress tolerance. As part of a BMBF funded project on frost tolerance a panel of 276 winter wheat accessions has been phenotyped at different locations in Germany and Russia. The genotyping was done employing ILLUMINA *infinium* iSelect 90k wheat chip. Genome wide association mapping analysis identified three and seven positive SNP associations on the chromosomes 1B and 5A, respectively. Another BMBF funded project dealing with lodging resistance in rye was carried out in collaboration with the rese-

arch groups SZB and GGK. The investigation of a segregating F2 population of a highly lodging resistant mutant (*Stabilstroh*) and wildtype enabled to detect significant QTL for plant height (1R, 7R), stalk diameter (3R), ratio of sclerenchyma to diameter of the internode (4R), thickness of sclerenchymal cell walls (1R), and content of copper (7R).

highlights

Organiser of EUCARPIA Cereals Section Conference, 29.6. – 4.7. 2014 (333 participants)

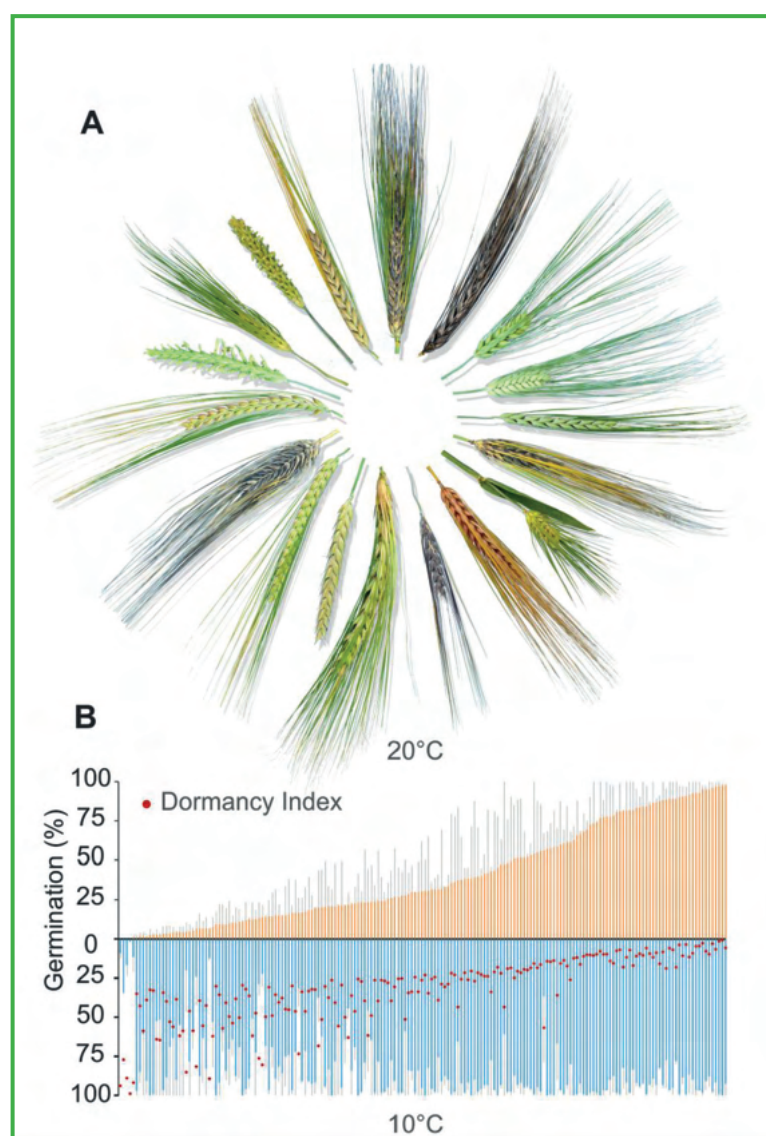
Organiser of ISSS Seed longevity Conference, 5.7. – 8.7. 2015 (212 participants)

Award on the occasion of 50 years of EWAC (European Cereals Genetics Cooperative), Lublin, Poland, 15.05.2015

funding

DFG, EU, BMBF, BMEL, GIZ, DAAD, Leibniz

Fig. 9 (A) Variation in spike morphology of the spring barley association mapping panel. B) Dormancy analyses of spring barley accessions multiplied in the field in 2013 and 2014 (means of the two seasons). Seeds were tested on germination at maturity at 10°C and 20°C. Higher germination was shown at lower temperature, indicating that stratification increased germination. More dormant seeds had higher dormancy index.



Research Group *In vitro* Storage and Cryopreservation (IVC)

Head: Dr. E. R. Joachim Keller



keywords

Allium
Cryopreservation
Cryo-stress
Mentha
Slow growth culture
Potato

scientists

Dr. Angelika Senula
Johanna Stock
Kamatchi Ulagappan

The main tasks are the further extension of the cryopreserved collection of potato, *Allium*, *Mentha*, and some minor groups and the maintenance of an *in vitro*-collection of *Allium* and *Mentha*. This will be supported by methodical investigations to expand the spectrum of target organs, further develop the usable methods and to integrate them into the general conservation strategy. Research is conducted concerning both, conditions and key genes related to stress, survival and repair before and after cryopreservation.

A rejuvenilisation campaign was necessary for the *in vitro*-mint collection to invigorate the cultures that had been *in vitro* already for 15 years. For this, 70 accessions were transferred into soil and, after culture in pots new explants were taken for *in vitro*-cultures.

Shallot cryopreservation revealed to be successful when the donor material was taken directly from field-harvested bulbs. Tissues survived and regenerated to normal well-rooted plants, when using of sufficiently small explants. Regeneration rates between 20% and 60% were obtained. Too large explants gave only leaf-like structures whereas the meristem proper died. Furthermore, the genotype is of importance for regenerability.

Cryopreservation of unripe inflorescence explants of wild *Allium* species was performed in order to complement the previously done storage of pollen of these species. Investigations were performed on 25 accessions of 15 *Allium* species. They were focused on the optimum stage of the inflorescence at

harvest, the explant type and the influence of cold pretreatment. Droplet vitrification with PVS3 was used. Cold pretreatment at 10 °C is possible up to seven days. The quality of the explants was the most important factor. Strong dependence on the species was found resulting in regeneration between 0 and 57%. Further investigations to optimize the method are necessary.

Droplet vitrification using PVS3 was successful for cryopreservation of *Artemisia integrifolia* and *A. dracunculus*. Four accessions were already stored. Regeneration rates between 60% and 80% were attained. Cold pretreatment was essential for that.

Osmotic stress during pretreatment is considered to be the main reason for dying of the meristem tissue and is in further investigation. In the frame of the Leibniz Competition funding line *Networking the project Cryostress - Mechanisms of Cellular Adaptation to Extremely Low Temperatures* (KAIT) is focused on cellular stress and mechanisms

of adaptation before cryopreservation and in the regeneration phase. The main objects are shoot tips of *Arabidopsis thaliana* (Fig. 10) and *Solanum tuberosum*. The state of the tissue water was investigated by means of *Differential Scanning Calorimetry*. Comparison of various *Arabidopsis* wild types and transgenic knockout lines is used to give insight into adaptation of plants to ultra-low temperatures. Two candidate genes were identified (*PR5* and *WRKY22*), which are supposed to take part in the reactions on cryopreservation and during regeneration from it. For detailed identification changes of the transcript level in course of the cryopreservation procedure were recorded. Furthermore, investigations at the protein level were initiated and the effect of cold stress was investigated (*CBF1*, 2, and 3). A method to characterise the viability of the shoot tips using records of the ATP level was established.

Cryo-microscopy was used to characterise the freezing vs. glass-forming features of various solutions and to screen various objects for suitability in this system. Transparency of the object is the main prerequisite. Therefore, best objects are plant hairs and pollen. Trichomes of *Arabidopsis* are a suitable indicator for the freezing behavior of tissues. Orthodox (*Amaryllidaceae*) and recalcitrant (*Poaceae*) pollen can be easily distinguished. Cryo-microscopy has shown that cereal pollen cannot be stored by the same methods as used for *Allium* pollen.

Further investigations were conducted on factors of oxidative stress in shoot tips of garlic. Changes of the oxygen content, soluble sugars, amino acids and malondialdehyde (MDH) were measured by micro-sensors and HPLC.

Investigations were performed on factors of cryo-therapy on potato shoot tips. Vitrification with PVS2 was used for histological observations. It was found that the PVS2 treatment was responsible for lethal damage of the cells, not so the other pretreatment steps and neither the ultra-low temperature during cryopreservation. The viruses PVY and PLRV were investigated in detail. Virus indexing of the regenerant plants by ELISA and RT-PCR revealed virus-negative plants after PVS2 treatment irrespective of the effect of liquid nitrogen.

In the frame of the COST action FA 1103 *Endophytes in Biotechnology and Agriculture* and in a hygiene project, the working group provided material for further investigations to the partner DSMZ Braunschweig.

The research group organised a joint meeting of a workshop of the Leibniz Project *Cryostress* and the *Annual Scientific Meeting of the Alliance of German Cryobanks*. This meeting covered the main aspects of cryopreservation in various organisms.

highlights

In vitro storage of 308 accessions in *Allium*, *Mentha* and others.

Cryopreservation of 1712 accessions of potato, *Allium* and *Mentha*.

Cryopreservation methods extended on shallot and wild *Allium* species wherein the explants came directly from field material (bulbs or unripe inflorescences)

Two candidate genes for cryo-stress identified.

Specification of pollen, orthodox and recalcitrant for cryopreservation, by cryo-microscopy.

Combined workshop of the Leibniz Project KAIT with the *Annual Conference of the Alliance of German Cryobanks (Gemeinschaft Deutscher Kryobanken, GDK)* organised and hosted.

funding

Leibniz, DAAD, DFG

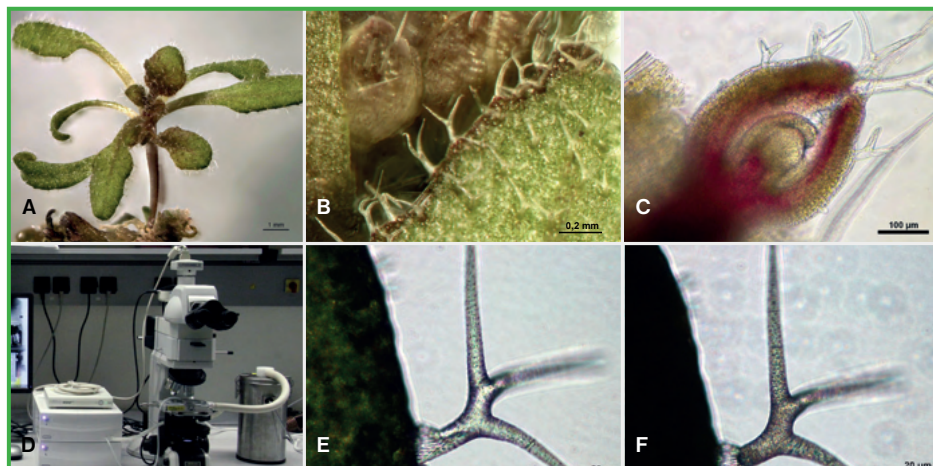


Fig. 10

Observation of trichomes in *Arabidopsis thaliana* being an indicator of the tissue behaviour during cooling in cryopreservation.

(A) Regenerant plantlet of the PAP1D mutant after rewarming from liquid nitrogen; (B) Trichomes at the leaf margin; (C) Lateral bud with trichomes at the leaf primordia; (D) Cryo-microscope, left: control units, right: liquid nitrogen Dewar vessel; (E) Trichome at 20 °C; (F) Trichome below -30 °C, note that ice formation is visible as sudden change (darkening), leaf tissue also blackened.

Research Group **Satellite Collections North (TEN)**

Head: Dr. Klaus J. Dehmer



keywords

Forages
Genetic diversity
Oil plants
Plant genetic resources (PGR)
Potato

scientists

Dr. Alexandra Bothe
Dr. Kerstin Diekmann
Dr. Siyang Liu
Dr. Stephanie Nehrlich
Anna M. Roschanski
Evelin Willner

We conduct research on plant genetic resources (PGR) collections of potatoes, oil and fodder crops which are maintained at the Gross Lüsewitz and Malchow/Poel sites of the IPK Gene Bank. Main research topics comprise genetic diversity, resistance/tolerance to diseases, bio energy content, drought and nutrient deficiency. Regarding classical Gene Bank work we are responsible for the collection, maintenance, characterisation, evaluation, documentation, research and distribution of PGR material.

In addition to a SSR based elucidation of the genetic diversity present in all clonally propagated potato accessions at the *Gross Lüsewitz Potato Collections* (GLKS), plastid markers were employed to complete the picture on the molecular composition of the respective material. A higher diversity could be found in the Andean sub-collection, while less variation is present in the European and North American cultivated gene pool (cooperation with LfL, JKI/ZL, organic farming associations & growers).

A large variation regarding nitrogen use efficiency and drought stress tolerance was observed in genotypes from selected wild potato species (cooperation with ABC, JKI and Leibniz University Hannover). In combination with evaluation data on nematode and late blight resistance, well characterised genotypes are available for further analyses by the cooperation partners.

As one central task within the *GrassLandscape* project, 537 *Lolium* accessions obtained

from various Gene Banks and originating from the entire European distribution range of the genus were phenotyped at IPK's *LemnaTec* facilities (cooperation with HET, IBERS, ILVO and INRA). Analogous to first observations in the field, large variation e.g. in respect to regrowth after cutting could be recorded (Fig. 11). In addition, 21 *Lolium* accessions mainly from Germany were newly collected and added to the IPK Gene Bank collection.

In a study on the presence of heterotic pools as basis for hybrid breeding for biomass production in *Lolium*, molecular marker (DARTs, SNPs, SSRs) data analyses did not yield distinct groups. In addition, no clear correlations between molecular distance and hybrid yield performance could be observed in the material examined (cooperation with JKI/PB, breeding companies, *Schmack Biogas* and University of Göttingen).

Correlations between drought stress susceptibility in the field, in rain-out shelters and in a hydroponics system could be detected in

a research project aiming to create the basis for drought tolerance breeding in grasses (cooperation with LfL and JKI). This indicates that an accelerated pre-selection of drought tolerant genotypes will be feasible without field trials. Furthermore, tetraploid *Lolium* material proved to be less susceptible for drought stress than diploid entries, while *Festulolium* varieties were characterised a large variation for drought tolerance.

Correspondence analyses of C&E-data of *Lolium* accessions collected in four European countries revealed significant correlations between geographic origin and disease resistance (Bulgarian material), growth before/after winter (Irish material) or flowering tendency (Spanish and Croatian material).

Regarding the conservation of Gene Bank material, the GLKS currently maintain 6,156 accessions from 140 tuber bearing *Solanum* species within three separate collections (clonally/seed propagated; cultivated/wild origin). In 2014 and 2015, 879 accessions were cultivated in the field and phenotyped for 15 traits. 385 wild potato accessions were successfully multiplied in the greenhouse. Germination rates were determined for 2,051 seed maintained entries. Via *in vitro*-culture,

2,840 potato accessions are maintained vegetatively. More than 1,400 accessions are cryopreserved at IPK Gatersleben (IVC). In the context of 541 requests 6,504 potato accessions were distributed. Evaluations were carried out for resistance to three major potato pests: *Globodera pallida* (LALLF Rostock), *Phytophthora infestans* on leaves (JKI) and tubers (JKI) and *Synchytrium endobioticum* (JKI). 146 entries were evaluated for their taste, 538 for tuber starch content.

The *Malchow Oil Plants and Fodder Crops Collections* maintain 14,281 accessions belonging to 19 genera and 131 species. In 2014 and 2015, 1,202 accessions were cultivated for characterisation and multiplication additionally. Besides evaluation trials for research purposes, three-year field evaluations were carried out for *Lolium perenne* (as recently bred material in co-operation with LFA). Germination tests were conducted for 11,439 accessions. Based on successful multiplications, 80% of the collections are saved at the *Svalbard Global Seed Vault*. A total of 3,101 samples were provided to 278 users.

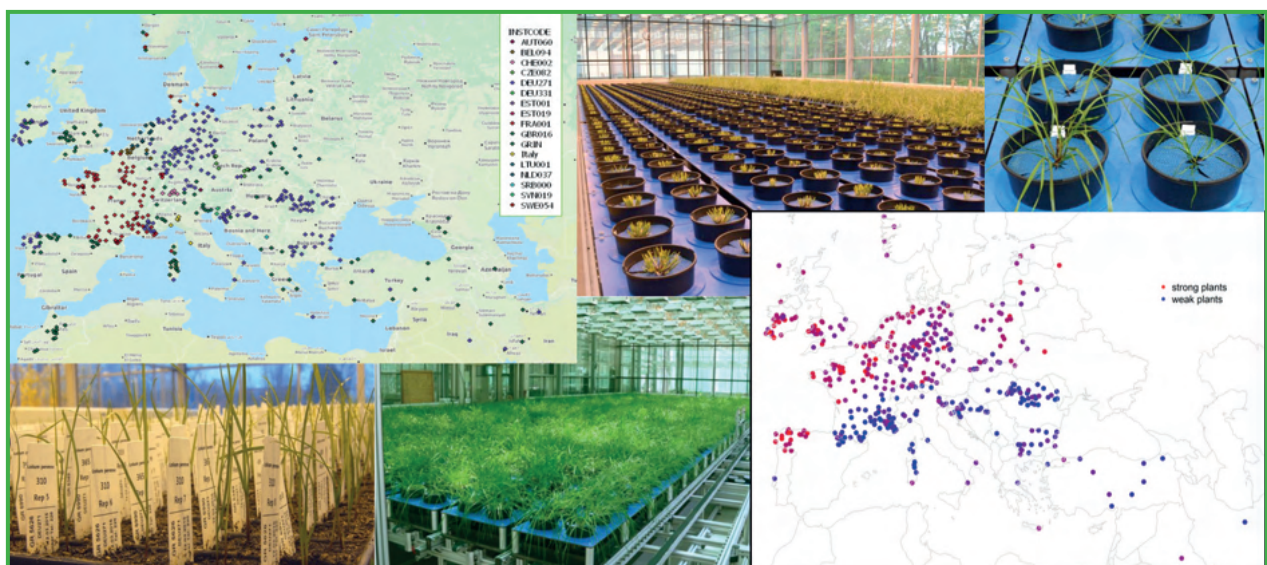
highlights

Research on five externally funded projects
Start of EU funded GrassLandscape project
Participation in newly started *Leibniz Science Campus Phosphorus Research Rostock*
Delivery of 9,605 accessions (47% of TEN collections) to 818 requesters

funding

BMEL/BLE, ERA-NET/FACCE-JPI, FNR

Fig. 11 High throughput phenotyping of appr. 500 *Lolium* Gene Bank accessions within the Grass-Landscape project at IPK's *LemnaTec* facility (in cooperation with the HET research group), the geographic origin of the accessions being displayed in the upper left and their differentiation for the trait seedling vigor in the lower right map, respectively.



Research Group **Experimental Taxonomy (ETX)**

Head: Dr. Frank R. Blattner



keywords

Crocus
Hordeum
Taxonomy
Triticeae
Reference collections
Systematics

scientists

Nadine Bernhardt
Dr. Federica Bini
Dr. Jonathan Brassac
Dr. Dörte Harpke
Katja Herrmann
Dr. Klaus Pistrick
Petra Sarhanova

The research group works on phylogenetic classification and the analysis of evolution of crops and their wild relatives. We use experimental studies to link molecular markers and phylogenetic data with ecological and morphological traits, and to analyse plant-environment interdependency on and below the species level in an evolutionary framework. Beside of that the group is responsible for the curatorial management of the taxonomic collections of the IPK, and arrive at nomenclaturally suitable treatments of taxa.

In the barley genus *Hordeum* we analyse all aspects related to phylogeny, speciation and ecological adaptation. To enable future studies of polyploid taxa it is necessary to know if polyploids originated as auto- or allopolyploids and, in the case of allopolyploids, identify their parental species. Recently we published a phylogenetic study using PCR amplification and next-generation sequencing of 13 nuclear loci, which were analysed in a coalescent-based framework. The study resulted in the most comprehensive *Hordeum* phylogeny up-to-date, and resolves for the first time relationships for all di- and polyploid taxa within a single multi-locus analysis.

To understand the influence of flowering-time differences on species stability in sympatric geographical settings in Patagonia, ten flowering-time and five housekeeping genes were targeted for three *Hordeum* species. For these genes hybridisation probes were designed and used to capture and sequence the respective loci for individuals from different populations within the study area. Currently

analyses of allele diversity under different geographic and demographic models are conducted.

Within a DFG project aiming at clarifying the phylogeny of diploid *Triticeae* we use 450 genes, evenly distributed among the chromosomes of the taxa, which were captured by hybridisation probes and afterwards sequenced on the Illumina NGS platform. Diverse phylogenetic analyses of this dataset provide a much better idea about species relationships within the tribe but also show that large but differing parts of the genomes are shared among the taxa, even between different genera. A follow-up project started at the end of 2015 that will now extend the analyses to the major allopolyploid genera of the *Triticeae*.

The genus *Crocus* was only some years ago thought to consist of about 80 species, distributed from Western Europe to the western-most parts of China. Through our work during the last years we now recognize about 160 species and estimate that roughly 200

crocuses might be around. For these species we work on a comprehensive phylogenetic hypothesis that should finally result in a new taxonomic treatment of the genus. We used whole-genome shotgun sequences of three species to define single-copy gene regions, which are now evaluated for their use as phylogenetic markers. Moreover, within a DFG-funded project we try to uncover the parental species of saffron (*Crocus sativus*), an assumed allotriploid, male-sterile taxon that can only be propagated vegetatively (Fig. 12).

As a follow-up study of an earlier analysis that showed that *Hordeum* species endured ice-age climate changes *in situ* in the Patagonian steppe, we are now analysing the reaction of woody members of the steppe vegetation on Pleistocene cold cycles. For three typical bushes of the Patagonian steppe, population samples were collected, microsatellite markers were developed and are currently analysed to reconstruct phylogeographic patterns. We like to see if only herbaceous species were able to resist changing climate conditions or if this was also possible for other members of the steppe community.

In *Allium* subgenus *Melanocrommyum* and other Central Asian groups of the genus the analysis of species diversity is still on-going, resulting in the description of new taxa. Also an internet-searchable database went online, providing collection data and photographs of taxonomically important characters for many *Allium* species.

The herbarium of the IPK holds currently a collection of 432,000 vouchers, with additional 106,000 samples in the seed and fruit collection and 55,000 in the spike collections. New specimens added to the collection consist of reference materials of Gene Bank accessions, but also the important type specimens for newly described taxa could be included. Thus, the herbarium is an integral part for documenting biodiversity-related research within the IPK. In a DFG-funded project specimens of crops and wild plants of the IPK herbarium have been digitized and are online accessible via the *Virtual Herbaria* portal of the Vienna-based database system JACQ.

highlights

Brassac J, Blattner FR (2015) Species level phylogeny and polyploid relationships in *Hordeum* (Poaceae) inferred by next-generation sequencing and in-silico cloning of multiple nuclear loci. *Systematic Biology* 64: 792–808.

funding

DFG

Fig. 12 Members of the research group studying *crocus* populations in southern Serbia.



Abteilung Züchtungsforschung

Leiter: Prof. Dr. Jochen C. Reif

Department of Breeding Research

Head: Prof. Dr. Jochen C. Reif

Allgemeine Forschungsziele

Der Pflanzenzüchtung kommt eine Schlüsselrolle bei der Ernährungssicherung der wachsenden Weltbevölkerung zu. In der Abteilung Züchtungsforschung (BR) erarbeiten wir Erkenntnisse und innovative Ansätze, um diese nachhaltig weiterzuentwickeln. Dabei forschen wir entlang der Verfahrenskette eines Zuchtgangs: der Schaffung genetischer Variation, der Fixierung der Sorteneltern und der Selektion überle-

gender Genotypen sowie an der Erhaltungszüchtung. Um unsere Forschungsziele zu verfolgen, nutzen wir die *omics* Datenrevolution. Mit den Erfolgen unserer Arbeit schließen wir die Lücke zwischen Grundlagenforschung und deren Anwendung in der Pflanzenzüchtung.



General Research Goals

Plant breeding plays a key role to ensure food, feed and fuel for the rapidly growing world population. The focus of our research is to provide knowledge and enable new approaches to improve plant breeding in a sustainable manner. The research activities of the department encompass the entire breeding process from producing new genetic variation, fixing parents and selecting superior genotypes to maintenance

breeding. We make use of the rapid progress in *omics* technologies in order to pursue our research goals. With our accomplishments we bridge the gap between basic research and its application in plant breeding. Therefore, this work is described separately.

Entwicklungen im Berichtszeitraum

Die Forschungsaktivitäten der Abteilung Züchtungsforschung (BR) reichten von Arbeiten in der Chromosomenbiologie zur schnellen Fixierung von Sorteneltern über neue Ansätze der Präzisionszucht bis hin zur Optimierung der Zuchtmethodik von *PreBreeding*-Programmen. Entsprechend ihrer Forschungsaktivitäten sind die sieben Arbeitsgruppen der Abteilung Züchtungsforschung in die drei Bereiche Züchtungsinformatik, Chromosomenbiologie und Genomanalyse gegliedert. Die Arbeitsgruppe *Apomixis* (APM) wird hierbei seit Ende des Jahres 2015 als gemeinsames Labor mit der University of Saskatchewan geführt. Arbeiten der Ag *Karyotypevolution* (KTE) werden im Rahmen einer Projektgruppe innerhalb der Ag *Quantitative Genetik* (QG) weitergeführt. Aufgrund der umfangreichen und substantiellen Forschungsbeiträge, werden die Arbeiten dieser Projektgruppe gesondert beschrieben.

Für die institutsweite und die institutsübergreifende Zusammenarbeit spielten 2014 bis 2015 die Sequenzanalyse, Dateninformationssysteme, genomweite Kartierungsansätze und Leistungsvorhersagen, Durchflusszytometrie und hochauflösende Mikroskopie eine wesentliche Rolle. Alle Gruppen

Developments in 2014/2015

The activities ranged from research in chromosomal biology facilitating the rapid fixation of genotypes, novel approaches of precision breeding to the optimization of breeding methodology for pre-breeding. As a consequence of their research focuses, the seven groups of the department of *Breeding Research* are structured into the three programs *Chromosome Biology*, *Genome Analysis*, and *Breeding Informatics*. The research group of *Apomixis* (APM) is since the end of 2015 organised as a Joint Lab between the University of Saskatchewan and the IPK. The research conducted within the previous group *Karyotype Evolution* (KTE) is continued in the framework of a project team within the group *Quantitative Genetics* (QG).

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

der Abteilung kooperierten innerhalb und außerhalb des IPK. Für die vielfältig verflochtene Zusammenarbeit zwischen den Gruppen der Abteilung, innerhalb des IPK und darüber hinaus sei auf die Berichte der jeweiligen Arbeitsgruppen und deren Publikationsverzeichnisse verwiesen.

Unter den 2014 bis 2015 erbrachten Forschungsleistungen sind die Folgenden besonders hervorgehoben:

Punktmutation ermöglicht die Fixierung von Sorteneltern in einem Schritt. Die Erzeugung haploider Pflanzen ist die wirksamste Methode Prozesse der Pflanzenzucht zu beschleunigen und damit deutlich zeit- und kostengünstiger zu gestalten. Doch nur einige Kulturpflanzen sind den etablierten Verfahren zugänglich. Dies könnte sich in Zukunft ändern, denn in Zusammenarbeit der *Ag Pflanzliche Reproduktionsbiologie* (PRB), *Genomdiversität* (GED) und *Chromosomenstruktur und -funktion* (CSF) wurde eine neue Methode für die Erzeugung von Haploiden erarbeitet, mit der eine viel größere Bandbreite von Arten erfasst werden könnte. In der IPK-TILLING Population der Gerste wurde eine mutierte Pflanze mit einem veränderten *Zentromer-spezifischen Histon H3* (CENH3) identifiziert. Diese Mutation konnte in der Modellpflanze *A. thaliana* für die Erzeugung von Haploiden nutzbar gemacht werden (Fig. 13). Punktmutationen im zentromerischen CENH3 Gen, welche durch zufällige Mutagenese oder auch durch die modernen Verfahren des *Genome Engineerings* auf gezielte Weise erreicht werden können, erschweren die Bindung des Spindelapparates an Zentromere. Werden nun mutierte und nicht mutierte Pflanzen gekreuzt, gehen die Chromosomen der mutierten Pflanze im entstehenden Embryo verloren, da der Spindelapparat bevorzugt die nicht-veränderten Zentromere bindet. Im Ergebnis entsteht eine haploide Tochterpflanze, deren einfacher Chromosomensatz durch Colchizinbehandlung identisch verdoppelt werden kann. Diese für die Pflanzenzucht herausragende Erkenntnis wurde am 20. August 2015 in der Fachzeitschrift *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* (PNAS) publiziert.

Fig. 13 Identifizierung von diploiden und haploiden Pflanzen in der Nachkommenschaft von *Atcenh3* L130F-1 x Wildtyp *A. thaliana*.

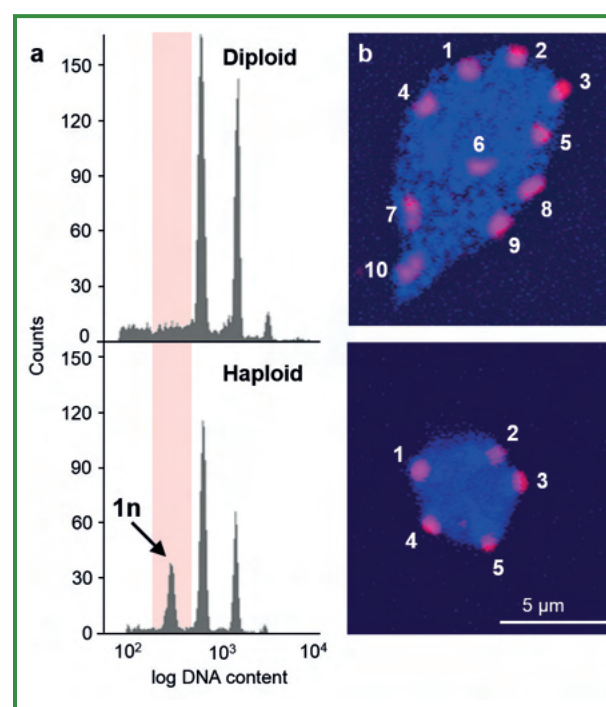
(a) Durchflusshistogramm diploider und haploider Pflanzen. Pfeil markiert die haploide Kernpopulation.
 (b) Zellkerne nach FISH mit einer Zentromer-spezifischen Probe (in rot).

Identification of diploid and haploid plants in the progeny of *Atcenh3* L130F-1 x wild type *A. thaliana*.

(a) Flow histogram of diploid and haploid plants. arrow: haploid peak.
 (b) Nuclei after FISH using a centromere-specific probe (in red).

The following scientific achievements are considered as highlights of the Department in 2014/2015:

A point mutation allows the fixation of parental lines in one step. The generation of haploid plants is one of the most efficient methods to accelerate the plant breeding process by reducing time and costs. However, haploidization protocols are established for only some crop species. To overcome this limitation, in collaboration between the research groups *Plant Reproduction Biology* (PRB), *Genome Diversity* (GED) and *Chromosome Structure and Function* (CSF) we developed a novel method potentially suitable for the generation of haploidy inducers in a wide range of species. A mutant barley possessing a modified Centromere-specific Histone H3 (CENH3) gene was identified in a TILLING population of the IPK. This mutation was harnessed in the model plant *A. thaliana* to induce haploids (Fig. 13). CENH3 point mutations, either induced by random mutation or modern methods of genome engineering will reduce the ability of the spindle apparatus to bind to the centromeres. In developing embryos derived from a cross between wild type and mutant CENH3 plants the chromosomes of the mutant parent will undergo elimination due to the impaired centromere function during early embryogenesis. As a result haploid offspring will develop which could result in double haploids after colchicine treatment. This outstanding result was published August 20th, 2015 in the journal *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* (PNAS).



Elternwahl leichtgemacht: Omics-basierte Bildung von heterotischen Mustern. Die Hybridzüchtung nutzt das Phänomen der Heterosis, um die Ertragsfähigkeit von Nutzpflanzen zu steigern. In den fremdbefruchtenden Kulturarten Mais und Roggen hat sich die Hybridzüchtung gegenüber anderen Züchtungsmethoden bereits erfolgreich durchgesetzt. Durch die Erschließung von Heterosis bei selbstbefruchtenden Kulturarten besteht auch hier die Möglichkeit, deren Erträge nachhaltig zu steigern und deren Ertragsstabilität nahezu zu verdoppeln. Die zentrale Herausforderung dabei ist die Bildung von heterotischen Mustern, um die Selektion komplementärer Eltern zu vereinfachen. In einer bahnbrechenden Arbeit ist es uns gelungen, einen dreistufigen Ansatz zur Bildung heterotischer Muster bei Selbstbefruchtern zu entwickeln: (1) Vorhersage der vollständigen Matrix der Leistungen von Tausenden von Hybriden mithilfe Genom-weiter Verfahren, (2) Selektion hochertragreicher und komplementärer heterotischer Gruppen durch Anwendung eines *Simulated Annealing Algorithmus*, (3) Analyse des mittel- bis langfristigen Selektionsgewinns des heterotischen Musters. Diese dreistufige Vorgehensweise wurde an einem umfangreichen experimentellen Datensatz von rund 2.000 Weizenhybriden erfolgreich getestet (Zhao et al. PNAS 2015). Die identifizierten heterotischen Gruppen zeigten einen Mehrertrag von bis zu 0.91 t ha⁻¹ im Vergleich zum Populationsmittel – dieser Mehrertrag spiegelt mehr als 15 Jahre Zuchtfortschritt wider.

Wissensbasierte Züchtung von dauerhafter Krankheitsresistenz. Nichtwirts-Resistenz sowie quantitative Wirtsresistenz verleihen Pflanzen dauerhaften Schutz gegen Krankheitserreger und sind wichtig für die langfristige Ertragssicherung. Allerdings bedarf eine gezielte Nutzung der Eigenschaft, die in der Regel eine komplexe Art der Vererbung durch viele *Quantitative Trait Loci* (QTL) besitzt, eines besseren Verständnisses der wichtigsten Gene und Allele. In den vergangenen Jahren hat die Ag *Pathogen-Stress Genomik* (PSG) Werkzeuge der funktionellen Genomforschung in der Gerste entwickelt und genutzt um Gene, die für Interaktion mit dem Mehltaupilz *Blumeria graminis* relevant sind, zu entdecken. Durch das Zusammenführen von Ergebnissen des transienten *Gen-Silencings* mit Daten zu Transkript-Regulation, Allel-Merkmal Assoziation, QTL Co-Lokalisierung und Genkopienzahl-Variation wurde eine Liste von 51 starken Kandidatengenen mit konvergenter Evidenz für eine Rolle in dauerhafter Resistenz erhalten (Abb. 14; Douchkov et al. 2014). Diese Studie stellt einen ersten funktionellen Datenbestand zu rund 3 % des Gersten-Transkriptoms für eine Rolle in *nonhost*- oder quantitativen Wirtsresistenz gegen den Mehltauerreger dar. Die entdeckten Kandidatengene sind nun Ausgangspunkt für vertiefende Validierungsexperimente auf der Ebene von Ganzpflanzen oder Populationen und könnten funktionelle Marker für die Merkmalsverbesserung liefern.

Simplifying the selection of parents: Omics-based establishment of heterotic patterns. Hybrid breeding is a remarkable success story in several allogamous species such as maize and rye. Hybrid breeding is a potential disruptive technology in selfing species, which could boost yield per area and double yield stability due to the exploitation of heterosis. In a pioneering study, we developed a three-step strategy to establish a heterotic pattern, which was one of the central unsolved challenges for initiating hybrid breeding programs in selfing species. First, the full hybrid performance matrix is compiled using genomic prediction. Second, a high-yielding heterotic pattern is searched based upon a developed simulated annealing algorithm. Third, the long-term success of the identified heterotic pattern is assessed. The three-step approach was successfully implemented and evaluated using a phenotypic and genomic wheat data set comprising around 2.000 hybrids (Zhao et al. PNAS 2015). The identified heterotic groups outperformed the population mean with a maximum difference amounting to 0.91 Mg ha⁻¹. This improvement reflects roughly 15 years of breeding progress in a single year.

Knowledge-based breeding of durable disease resistances. Nonhost resistance as well as quantitative host resistance confer durable protection to plants against pathogens and are important for securing yield in a longer perspective. However, a more targeted exploitation of the trait, which usually possesses a complex mode of inheritance by many *Quantitative Trait Loci* (QTL), asks for a better understanding of the most important genes and alleles. Over the past years the group *Pathogen-Stress Genomics* (PSG) has developed and utilised tools of functional genomics in barley attacked by the powdery mildew fungus *Blumeria graminis* to discover genes that are relevant for this host-pathogen interaction. By combining results of transient gene silencing with transcript regulation data, allele-trait associations, QTL co-localization and copy number variation a list of 51 strong candidate genes with convergent evidence for a role in durable resistance was obtained (Fig 14; Douchkov et al. 2014). This study represents an initial, functional inventory of approximately 3% of the barley transcriptome for a role in nonhost- or quantitative host resistance against the powdery mildew pathogen. The discovered candidate genes are a starting point for deeper validation experiments at the whole-plant or population level and might provide functional markers for trait improvement.

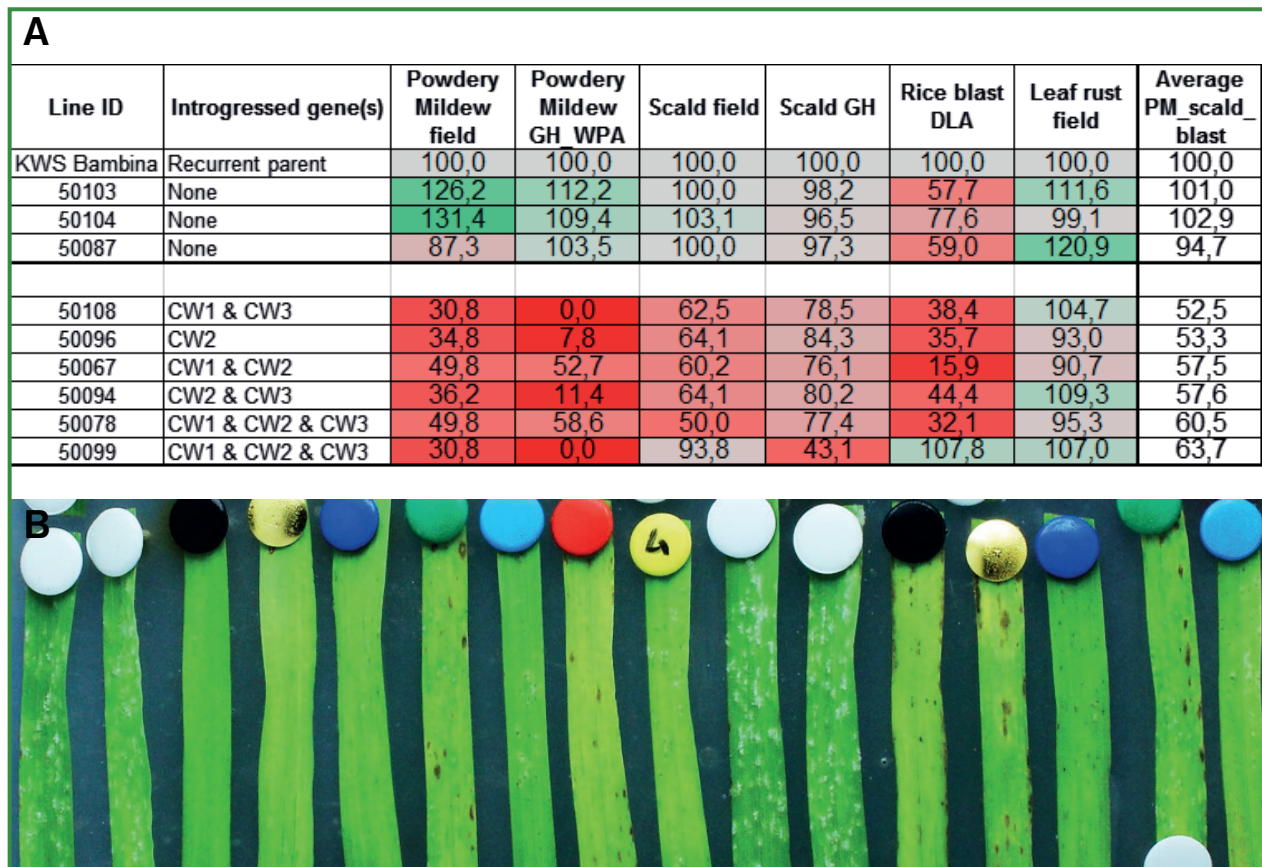


Fig. 14 Multiple Krankheitsresistenz von Gerstenlinien mit (multiplen) eingekreuzten Allelen von Kandidatengenen, die mit Resistenz-QTL co-lokalisieren (Douchkov et al. 2014).

Die Introgressionslinien wurden in Zusammenarbeit mit der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (Klaus Pillen) und KWS SAAT AG (Viktor Korzun) entwickelt und im BARLEY-fortress Konsortium getestet.

(A) Quantitative Daten der Resistenztests. Die nicht vorhandene Resistenz gegen den Zwergrost könnte mit dem nicht-epidermalen Penetrationsmodus dieses Pilzes zusammenhängen. Werte in % relativ zum rekurrenten Elite-Elter KWS Bambina. CW1-3, Zellwand-modifizierende Proteine 1-3; DLA, Blattsegmenttest; GH, Gewächshaus; QTL quantitativer Merkmalsloкус; WPA, Ganzpflanzen-Keimlings-test.

(B) Beispiel für Mehlttauresistenz im Gewächshausversuch. Weisse pins = KWS Bambina; White pins = KWS Bambina; Gelb = Linie 50094; Hellblau = Linie 50096; Grün = Linie 50097; Gold = Linie 50099.

Multiple disease resistance of barley lines with introgressed (stacked) alleles of QTL-co-localizing candidate genes identified by Douchkov et al. (2014).

The introgression lines were developed in collaboration with Martin Luther University Halle-Wittenberg (Klaus Pillen) and KWS SAAT Co. (Viktor Korzun) and were tested by the BARLEY-fortress consortium.

(A) Quantitative resistance data. The missing resistance to leaf rust might be related to the non-epidermal penetration mode of this fungus. Values in % are normalized to the recurrent elite parent KWS Bambina. CW1-3, cell-wall modifying proteins 1-3; DLA, detached-leaf assay; GH, greenhouse; WPA, seedling assay; QTL, *Quantitative Trait Locus*.

(B) Example of powdery mildew resistance in greenhouse assays. Yellow = line 50094; light blue = line 50096; green = line 50097; gold = line 50099.

Research Group Quantitative Genetics (QG)

Head: Prof. Dr. Jochen C. Reif



keywords

Genome-wide predictions
Genome-wide QTL mapping
Hybrid breeding in selfing species
Redesigning the exploitation of wheat genetic resources
Yield and phenotypic stability

scientists

Dr. Jianting Chu
Sang He
Dr. Yong Jiang
Dr. Inna Lermontova
Zuo Li
Guozheng Liu
Dr. Mette F. Mette
Dr. Michael F. Mette
Dr. Vilson Mirdita
Phipp Norman
Michael Sandmann
Yu Wang
Dr. Yusheng Zhao

The research goals of the QG research group are to redesign pre-breeding programs, enable hybrid breeding programs in selfing species, and accelerate selection gain in applied plant breeding programs. To this end, we make use of the *omics*-data revolution: We expand the quantitative genetic toolbox to dissect the genetic architecture and predict complex traits considering additive, dominance, and epistatic effects. Our model crop is wheat, but research activities also encompass barley, rice, soybean, maize, rye, and canola.

Redesigning the exploitation of wheat genetic resources. More than half a million wheat genetic resources (GR) are resting in Gene Banks worldwide. Unlocking their hidden favourable genetic diversity for breeding is pivotal for enhancing grain yield potential, and averting future food shortages. We elaborated a novel pre-breeding strategy exploiting recent advances in hybrid wheat technology to uncover the masked breeding values of wheat GR. The gathered phenotypic information will enable a targeted choice of accessions with high value for pre-breeding among this plethora of genetic resources. We intend to provoke a paradigm shift in pre-breeding strategies for grain yield, moving away from allele mining toward genome-wide selection to bridge the yield gap between genetic resources and elite breeding pools. The proof-of-concept of the hybrid strategy is currently implemented and phenotypic data of multi-location field trials will become available in the coming growing season.

Identifying heterotic pattern in selfing species. Selfing species are often bred as pure-line varieties with stagnating yield growths. In contrast, selection gain in outcrossing species such as maize is high, owing to massive investment sustained by hybrid seed sales, coupled with an efficient exploitation of hybrid vigour. We have developed a three-step strategy for establishing a heterotic pattern, which was one of the central unsolved challenges for initiating hybrid breeding programs: First, the full hybrid performance matrix is compiled using genomic prediction. Second, a high-yielding heterotic pattern is searched based upon a developed simulated annealing algorithm. Third, the long-term success of the identified heterotic pattern is assessed by estimating usefulness, selection limit, and representativeness of the heterotic pattern with respect to a defined base population. The three-step approach was successfully implemented and evaluated using a phenotypic and genomic wheat data set comprising 1,604 hybrids and their 135 parents.

Integration of metabolomic-based prediction was not as powerful as genomic prediction. We show that hybrid wheat breeding based on the identified heterotic pattern boosts grain yield through the exploitation of heterosis and enhances recurrent selection gain (Fig. 15). The developed strategy represents a key step forward to embark successfully on hybrid breeding programs and is relevant for self-pollinating crops which are currently shifting from line to high-yielding and resilient hybrid varieties. The developed strategy is currently evaluated with experimental data sets in further crops such as rice and pearl millet.

Accelerating selection gain in applied plant breeding programs. Genomic-assisted crop improvement is a promising approach to enhance the selection gain per unit time. Genomic-assisted breeding can either be based on marker-assisted or genomic selection. In marker-assisted selection, genotypic values of individuals are predicted based on effects of a limited number of selected markers. In contrast, genomic selection considers many markers without performing marker-specific significance tests. The efficiency of marker-assisted versus genomic selection depends on the genetic architecture underlying the traits under consideration. Marker-assisted selection is most effective if the trait is influenced by a few *Quantitative Trait Loci* (QTLs) controlling a

large proportion of the phenotypic variation. In contrast, if the genetic architecture is complex, usually genomic selection is preferable. Modelling the interaction effects among genes, i.e. epistasis, in genomic selection is impeded by a high computational load. We developed a quantitative genetic framework facilitating to consider also epistasis in genomic selection and showed that modelling epistasis boosts prediction accuracy in particular for the selfing species wheat. As further option to enhance prediction accuracies, we devised a new genomic selection approach (W-BLUP) specifically designed for traits controlled by a few large and many small effect QTL. Based on experimental datasets in wheat, we highlighted that W-BLUP is suited to bridge the gap between marker-assisted and genomic selection. Unbiased estimation of the proportion of the phenotypic variation explained by single QTL is pivotal for marker-assisted selection. In pioneering surveys, we unravelled that the presence of reliable QTL exhibiting large effects and the potential of marker-assisted selection is often overestimated due to relatedness between training and validation populations. Consequently, we developed strategies to estimate the occurring bias for linkage and linkage disequilibrium mapping approaches. These strategies were successfully implemented using experimental datasets in wheat and rye.

highlights

BMEL funds hybrid wheat breeding research: QG coordinates public-private partnership involving all wheat breeding companies active in Germany (ZUCHT_WERT Grant ID: FKZ0103010).

QG elaborated a three-step strategy to establish heterotic patterns – the central unsolved challenge for initiating hybrid breeding programs (PNAS in press)

Norman Phillip, Syngenta fellowship scholar supervised by QG, is best student of the year in *Crop Science* master at MLU.

Quantitative genetic study sheds light into exploitation of epistasis in genome-wide predictions (Jiang and Reif 2015, *Genetics* 201:759-768)

Pioneering study on genotype-phenotype map of phenotypic stability in small grain cereals (*Journal of Experimental Botany* 66:3275-3284).

funding

BMEL, BMZ, Industry (Bayer, KWS LOCHOW)

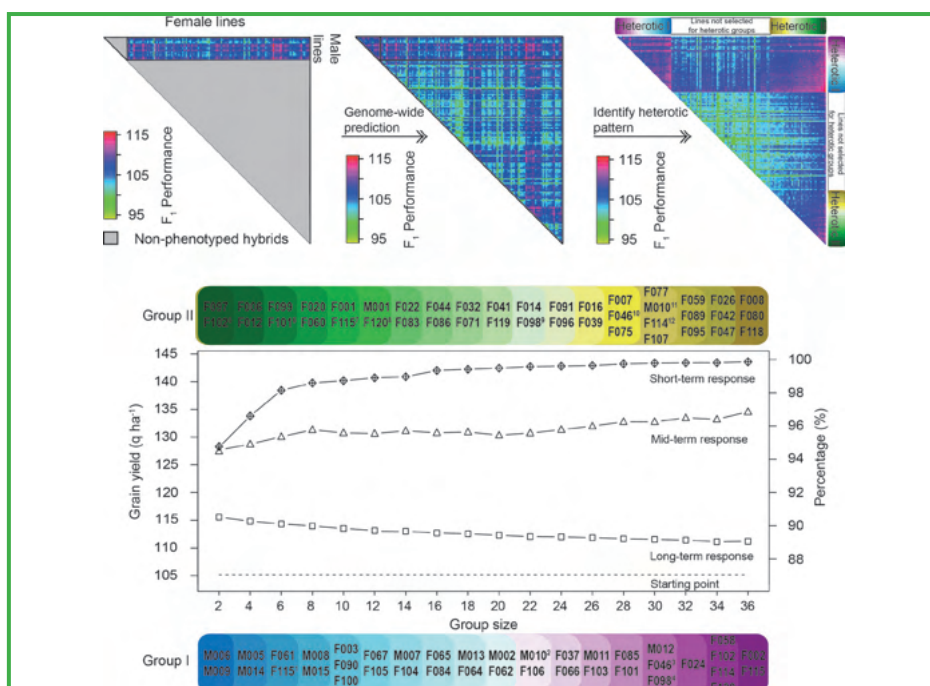
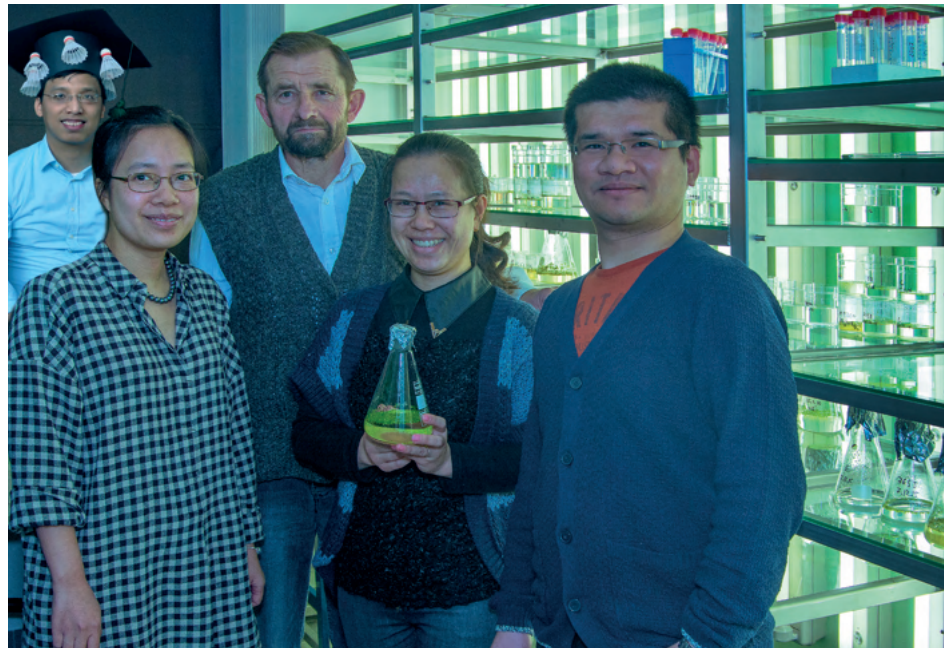


Fig. 15 Three-step strategy for establishing a heterotic pattern: First, the full hybrid performance matrix is compiled using genomic prediction. Second, a high-yielding heterotic pattern is searched based on a developed simulated annealing algorithm. Third, the long-term success of the identified heterotic pattern is assessed by estimating the usefulness, selection limit, and representativeness of the heterotic pattern with respect to a defined base population. (Yusheng Zhao, Zuo Li, Yong Jiang, Yu Wang, Jochen C. Reif).

Project Group

Karyotype Evolution (KTE)

Head: Prof. Dr. Ingo Schubert



keywords

Cytogenomics
DNA double strand break repair
Genome size evolution
Karyotype evolution

We focus on the evolution of genomes and karyotypes in closely related species with large variation in nuclear DNA content. We study possible reasons and consequences of genome size variability at the genomic and chromosomal level by testing for whole genome duplication and repeat dispersion as well as for dysploid chromosome number alterations within the genus *Genlisea* and between duckweed species. Because DNA double-strand break (DSB) repair mechanisms are essential for the evolutionary balance between genomic stability and variation, we quantify the outcome of DSB-repair at the sequence and chromosomal level within small and large genomes.

scientists

Dr. Xuan Hieu Cao
Dr. Thi Ha Giang Vu

Genome evolution within the carnivorous genus *Genlisea*. We sequenced the genomes and transcriptomes of two *Genlisea* species (*Lentibulariaceae*) with an 18-fold genome size difference. Comparative genomic, phylogenetic and cytogenetic analyses revealed a divergent genome size evolution by whole genome duplication (allotetraploidy) and retroelement dispersion in the large (*G. hispidula*, 1550 Mbp) and by retroelement silencing and deletion-biased DSB repair in the small (*G. nigrocaulis*, 86 Mbp) genome. No consistent correlations were found between *Genlisea* species groups with large or small genomes in terms of habitat or life strategy, suggesting this range of genome size to be selectively neutral. Some small genome species safeguarded their genomes against the loss of essential genes by recurrent genome duplication. Also centromeric and even telomeric sequences varied between species with large versus small genomes. Eleven out of 20 chromosomes of *G. nigrocaulis*, and 13 out of 20 of *G. hispidula* were identified by

fluorescence *in situ* hybridisation (FISH) with unique and repetitive probes. Metatranscriptome analysis uncovered 92 genera of 19 pro- and eukaryotic phyla present in *Genlisea* lobster pot traps as prey or as commensals (Fig. 16).

Establishing a reference karyotype for potential duckweed crops. The monocotyledonous, aquatic, neotenic and mostly asexual duckweed species are becoming a crop for life-stock feeding and biofuel application. By means of FISH, we validated the assembly of the *Spirodela polyrhiza* genome, and subsequently mapped a BAC tiling path to the 20 *S. polyrhiza* chromosomes. Furthermore, seven ancestral blocks of duplicated segments were identified in 19 *S. polyrhiza* chromosomes. Thus, for duckweeds which increased genome size and reduced body size with progressing neoteny, a reference to study karyotype and genome evolution is now available.

Quantification of DSB repair modes in barley

Amplicon sequencing of reporter sequences upon targeted DSB induction revealed for three transgenic constructs at different genomic positions 47-58% of reads as result of non-homologous end-joining (NHEJ), including ~16% of microhomology-mediated events, 17-33% represented restoration of the original sequence, 1-8% *Synthesis-Dependent Single-strand Annealing* (SDSA) linked with NHEJ, and 20-33% indicated gene conversion. The majority of target loci (>81%) revealed a sister chromatid exchange, and thus repair during S or G2 phase. Most of the mis-repaired loci spanned insertions and/or deletion of 1-30 bp; very rarely >100 bp were involved. Now a follow-up project is funded

by the DFG for comparative investigation of transgenic and endogenous (addressed by CRISPR/Cas9) sequences in *A. thaliana* and in barley regarding the net proportion of DSB repair-mediated deletions, and developmental differences in the use of different DSB repair pathways. Furthermore, efficient gene replacement has been achieved by targeted DSB induction for barley (Watanabe et al. J Expt Bot, accepted).

highlights

Divergent evolution of genome size, centromeres and telomeres within the genus *Genlisea* (Vu et al. Plant Genome 2015; Tran, Cao et al Plant J 2015)

Host-microbiome interactions in *Genlisea* traps, Cao et al. Frontiers Microbiol. 2015)

Chromosomal assembly of a duckweed genome (Wang et al. Nature Commun 2014) and establishing a reference karyotype for duckweeds (Cao et al. New Phytol 2015)

Quantification of DSB repair modes in barley (Vu et al. Plant Cell 2014)

funding

DFG

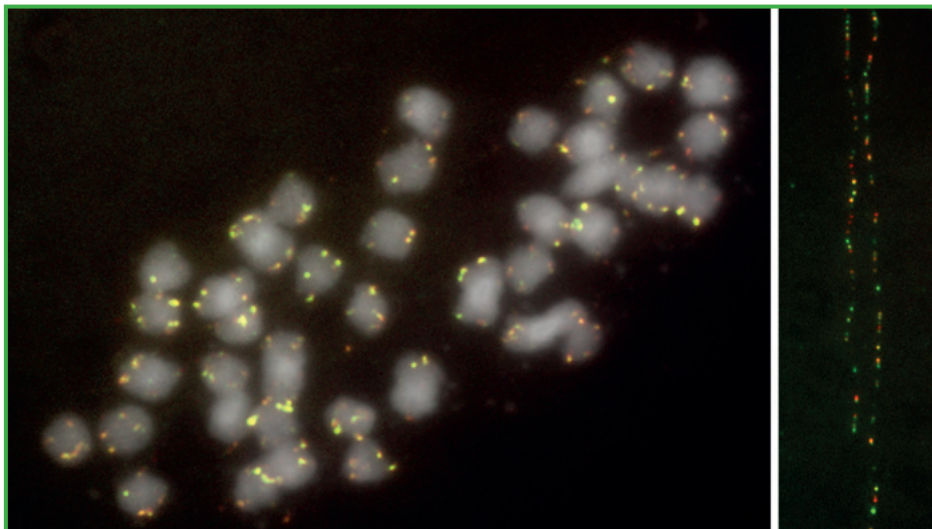
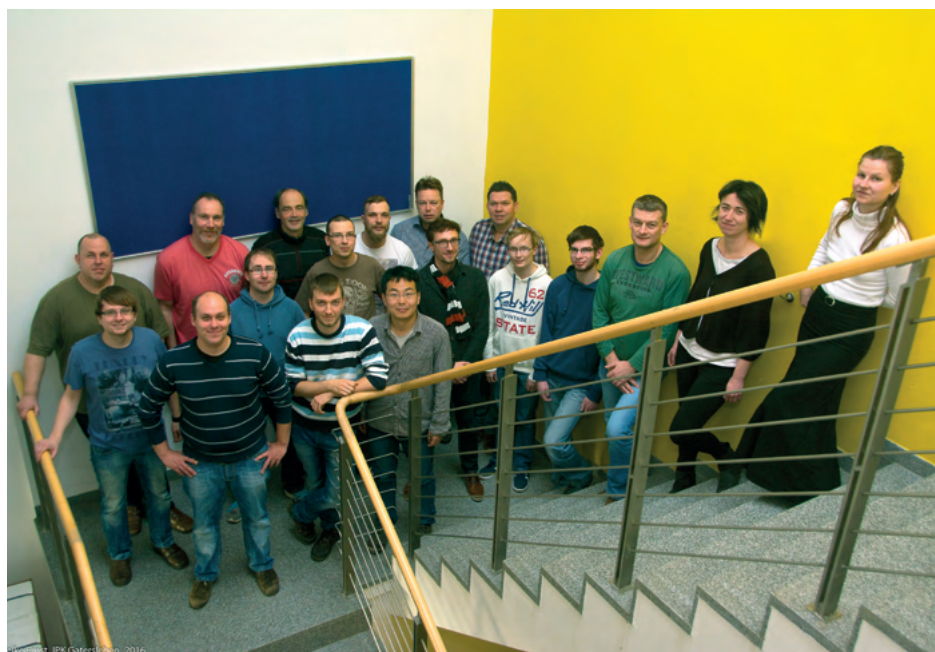


Fig. 16 TTTCAGG (red) and TTCAGG (green) occur intermingled at the chromosome termini of the carnivorious *G. hispidula*. Double fluorescent in situ hybridisation detected both sequence variants on metaphase chromosomes (left) and chromatin fibers (right). This represents the first example of a 'C' in the 'G-rich' telomere strand of a plant species and the first infrageneric switch from the canonical Arabidopsis-type telomere repeat (TTTAGGG). (T.D. Tran).

Research Group Bioinformatics and Information Technology (BIT)

Head: Dr. Uwe Scholz



keywords

Biodiversity informatics
Databases and Information Systems
Information Retrieval
Research Data Management
Sequence Analysis

scientists

Daniel Arend
Sebastian Beier
Tobias Czauderna
Christian Colmsee
Maria Esch
Dr. Anne Fiebig
Eva Grafahrend-Belau
Matthias Klapperstück
Dr. Matthias Lange
Dr. Martin Mascher
Thomas Schmutzer
Dr. Stephan Weise

Research group BIT jointly performs bioinformatics research and offer IT services. Its core competences are IT infrastructure, data management and NGS analysis. International visibility of bioinformatics research is underpinned by contributing to genome projects, hosting pipelines for breeding informatics, dozens of databases. Moreover, BIT is responsible for the IPK IT infrastructure and provides core services for computation, storage, desktop support, and network as well for the establishment and the operation of the central laboratory information management system (LIMS).

The group collaborated in various national and international research projects within the field of biodiversity informatics. Examples are contributions to the EU FP 7 program, the *Plant2030* initiative, the *German Plants Phenotyping Network* (DPPN) or a Leibniz SAW project.

Recently we established the BARLEX genome browser, an interactive web-based visualization interface for the rich sequencing and mapping resources available for the barley genome. We collated information associated with the genome-wide physical map, high-resolution genetic maps, exome capture target regions and annotated genes into one database and employed graph-based on-the-fly visualization to provide intuitive access to the multi-layered genomic infrastructure of barley. BARLEX will also serve as a central-repository for the sequence and mapping resources utilised for the construction of the BAC-based reference sequence of barley by the International *Barley Genome Sequencing Consortium*.

In the TRITEX project we provided the data storage and assembly of 454 and mostly Illumina sequenced barcoded BAC pools from the barley cultivar Morex. Long jumping distance mate-pair libraries from the DNA of pooled BACs were also produced and employed for scaffolding of the BAC assemblies using a self-implemented computational pipeline. More than 47,000 BAC assemblies were calculated with this method. In collaboration with international partners the complete minimal tiling path consisting of more than 60,000 overlapping BACs was fully sequenced and assembled.

In the RYE-Select project we established novel genomic resources including a first WGS assembly of the rye (*Secale cereale*) genome including over 28,000 gene models. In addition, this genomic resource was used to construct a large genotyping assay (RYE600k) using 10 additional genotypes and a wild progenitor *S. vavilovii* line that were re-sequenced using the WGS approach (Fig. 17).

Within the *Pre-BreedYield* project we investigated a panel of 52 highly diverse natural and synthetic *B. napus* lines. The full panel was re-sequenced using the WGS approach to study the underlying genetic diversity. The revealed diversity resource of 4.3 high-confidence, genome wide SNPs will assist new breeding strategies.

Furthermore, we operate the data management process within the DPPN project. Firstly, the IPK Hierarchical Storage Management system has been updated in respect of throughput, capacity and reliability. The data throughput was increased by adding an extra hard disk array for faster access to historic, archived with a net capacity of 228 TB as third copy for each stored file. The total capacity was increased to 211 TB tape storage.

The second focus within DPPN was to develop a sustainable data publication and documentation infrastructure. In this frame the e!DAL API to store, share, and publish research data was developed. Currently, it is accepted by Nature Scientific Data, *BioSharing.org* and *Horizon 2020* as valid data publication system. After a successful review, each submitted data set will be registered as *Digital Object Identifiers* (DOIs) and searchable at *DataCite*. Recently, a productive IPK instance of e!DAL hosts the *Plant Genomics and Phenomics Research Data Repository* (PGP) was installed. Up to now over 50 data-sets are published which were accessed by

about 1.500 unique users and about 2.000 data downloads per month worldwide.

In order to increase the data reusability and its scientific dissemination, we worked on the homogenization of experiment and data documentation. In international collaboration with INRA-UGI, Institute of Plant Genetics PAS, FZ Jülich, HMGU Munich, Oxford University, KeyGene we contributed to the ISA-TAB standard for data exchange and meta data annotation. The aim of this initiative is to develop a standard for describing phenotypic experiments on plants (<http://cropnet.pl/phenotypes/>). On this basis, a first plant phenotyping data set from the IPK was published (DOI 10.5447/IPK/2014/4).

Within the European *transPLANT* consortium we developed the integrated search engine LAILAPS to associate relevant trait knowledge to genomic data. Beside IPK hosted transplant installation, tailored systems are installed at HMGU in Munich and at Barcelona Super Computing Center. IPK host the biggest data volume of 60 million indexed text records and their associations also to 60 million records in genome databases. The system features state of the art technologies like interactive query assistance, semantic query expansion, just in time result filtering, suggestion of associated data sets and support to support authentication by social services, e.g. Google accounts.

highlights

Contribution to the chromosome-based draft sequence of bread wheat published in Science (<http://dx.doi.org/10.1126/science.1251788>)

Start of the BMBF project German Network for Bioinformatics Infrastructure – de.NBI and of the start of the Leibniz SAW project BRIDGE

Publication of a novel network based genome browser BARLEX (<http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2015.03.009>)

Establishment of the Plant Genomics and Phenomics Research Data Repository (<http://edal.ipk-gatersleben.de/repos/pgp>)

First IPK data publication in Nature Scientific Data (<http://dx.doi.org/10.1038/sdata.2015.72>)

funding

BMBF, BMEL, Leibniz, EU, Industry

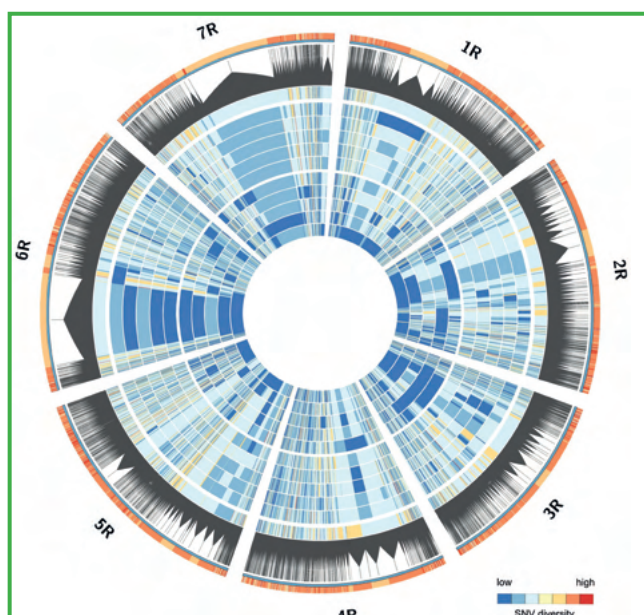


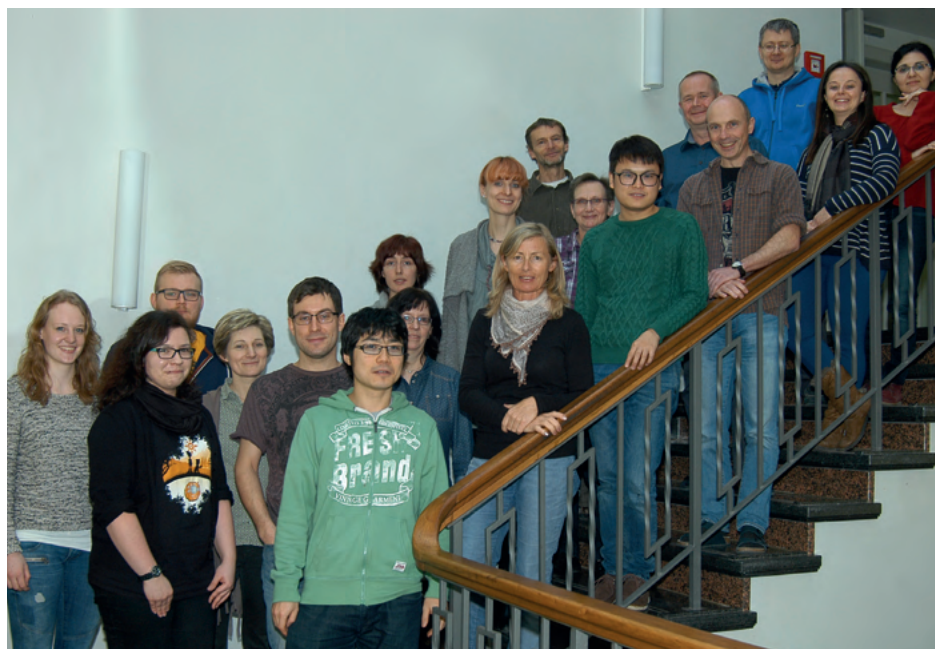
Fig. 17 SNV density and distribution along the rye nuclear genome:

The figure depicts WGS contigs that were anchored to the rye genetic framework (combined representation of 90k genetic map and rye genome zipper). The outer circle shows the position of genes along the genetic map of the seven chromosomes (1R to 7R). The gene density was plotted as heatmap ranging from low (yellow) to high (red). The following circle illustrates the anchoring of the genetic map to the physical sequence contigs. In total, 44,371 WGS contigs were anchored to 2,063 unique genetic map positions of the rye genetic framework. The heatmaps of the subsequent circles present the SNV density along the anchored WGS contigs for each of the re-sequenced rye genotypes. A low number of SNVs is illustrated in blue segments and high number of SNVs in red segments. From inside to outside, the tracks represent five inbred lines from the seed parent pool (Lo90, Lo115, Lo117, Lo176, Lo191), five inbred lines from the pollen parent pool (Lo282, Lo298, Lo310, Lo348, Lo351) and the *S. vavilovii* accession.

(Source: Thomas Schmutzer, Chris Ulpinnis, Uwe Scholz, Bioinformatics and Information Technology).

Research Group Chromosome Structure and Function (CSF)

Head: PD Dr. Andreas Houben



keywords

Centromere
Chromatin organisation
Chromosome segregation
Haploidisation
Meiosis
Mitosis

scientists

Dr. Ali Mohammad Banaei Moghaddam
Dr. Dimitri Demidov
Celia Municio Diaz
Steven Dreißig
Dr. Jörg Fuchs
Susann Hesse
Dr. Takayoshi Ishii
Maja Jankowska
Dr. Raheleh Karimi Ashtiyani
Dr. Veit Schubert
Lala Aliyeva-Schnorr
Mateusz Zelkowski

We decipher the regulation, organisation, segregation and evolution of mitotic, meiotic and interphase chromosomes with the aim to unravel basic mechanisms of chromosome biology. The gained knowledge will be translated to accelerate and optimize the breeding process of crop plants. Therefore, a combination of different DNA-, RNA- and protein-based methods in combination with bioinformatics, optical and transgenic tools are employed.

The generation of haploids is a powerful mean to accelerate the plant breeding process. We elucidated whether point mutations in CENH3 could be harnessed for the induction of haploids. Barley plants were identified with an impaired centromere loading caused by a mutation in the centromere targeting domain. The same mutation results in a reduced loading of CENH3 in transgenic *Arabidopsis* and sugar beet plants. *Arabidopsis* individuals carrying this single CENH3 point mutation were used as haploidy inducers. Considering the high degree of conservation of the identified mutation site and that mutations can be generated by mutagenesis or genome editing, the described method offers opportunities for the application in a wide range of crops (in cooperation with the research groups PRB, GED and external partners).

Holocentric chromosomes occur in a number of eukaryotic lineages. They form holokinetic kinetochores along the entire poleward chromatid surfaces, and due to this alternative chromosome structure some species with

holocentric chromosomes cannot use the two-step loss of cohesion during meiosis as it is typical for monocentric chromosomes (Fig. 18). The Juncaceae *Luzula elegans* shows a holocentric chromosome architecture and, contrary to the monopolar sister centromere orientation, the unfused holokinetic sister centromeres behave as two distinct functional units during meiosis I, resulting in sister chromatid separation. This alternative process of meiosis is likely one possible adaptation to handle holocentric chromosome architecture. In the *Cyperaceae Rhynchospora pubera* the first centromere-specific repeats of a holocentric species have been identified. As a functional consequence a cell cycle-dependent shuffling of centromeric units results in the formation of functional (poly)centromeres during cell division. A combination of holokinetic centromere activity and the fast formation of new telomeres at chromosomal breakpoints enable holocentric species a rapid karyotype evolution (in cooperation with the research groups

SGN, APM, GED and external cooperation partners).

Aurora kinases are required for the faithful segregation of mitotic chromosomes. To analyse the meiotic function of this kinase family different combinations of *Arabidopsis* T-DNA insertion mutants and/or RNAi lines were used. Meiotic defects like, aneuploidy, increased ploidy level and the formation of unreduced pollen were revealed. The effect was mimicked by the application of the ATP-competitive Aurora inhibitor II. The ability of the microtubule-associated protein TPX2 to activate *in vitro*-Aurora1, but not Aurora3 was demonstrated (in cooperation with the research groups APM, QG, SZB and external cooperation partners).

To decipher the position and order of sequences genetically mapped to the centromere of barley chromosome 3H, FISH was performed with 70 genomic *in silico* predicted single-copy probes assigned to this recombination cold spot. The total physical distribution of the centromeric 5.5 cM bin of 3H comprises 58% of the mitotic metaphase chromosome length. Chromatin of this recombination poor region is preferentially marked by a heterochromatin-typical histone mark, while recombination enriched subterminal chromosome regions are enriched in euchromatin-typical marks. A novel method to detect meiotic recombination based on single pollen has been developed. KASP-genotyping

was applied to measure meiotic crossovers in individual barley pollen grains based on flow-sorted haploid nuclei and Phi29 DNA polymerase-based whole-genome-amplification. The obtained number of crossovers and chromosome wide recombination frequencies show that this approach is able to produce results that resemble those obtained from other methods. In addition, we show that copper (I)-catalyzed azide-alkyne cycloaddition-labelled probes are reliable tools to detect different types of repetitive sequences on chromosomes. Moreover, a combination of such probes for FISH with other techniques, e.g. immunohistochemistry and cell proliferation assays using 5-Ethynyl-deoxyuridine is herein shown to be easily feasible (in cooperation with the research groups BIT, GED and external cooperation partners).

Structured illumination microscopy (SIM) and photoactivated localization microscopy (PALM) (both super-resolution fluorescence microscopy techniques) were applied to determine for the first time the ultra-structural arrangement, colocalization and the absolute number of active and inactive RNA polymerase II molecules in endopolyploid *Arabidopsis* interphase nuclei after double labelling them with specific antibodies (in cooperation with external partners).

highlights

A CENH3 mutation resulting in impaired CENH3 loading induces haploid plants (Karimi-Ashtiyani, R., Ishii, T., et al. (2015) Proc Natl Acad Sci U S A 112, 11211-11216)

Documentation of an alternative mode of meiosis in holocentric chromosome species (Heckmann, S. et al. (2014) Nature Communications 5)

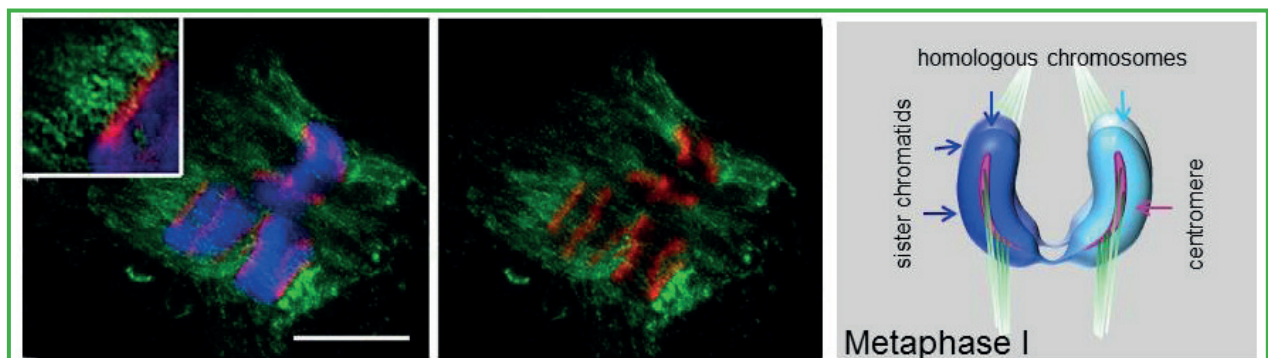
Identification of the first centromere-specific repeats in a holokinetic chromosome species (Marques, A. et al. (2015) Proc Natl Acad Sci U S A.112, 13633-13638)

Second price *Ideenwettbewerb Scidea 2014*, Martin Luther University Halle-Wittenberg, S. Dreisig, J. Fuchs, A. Houben

funding

BMBF, DFG, DAAD, EU, BMGF (USA) sub-award from CSIRO (Australia), Industry (KWS, BaseClick).

Fig. 18 Meiotic metaphase I chromosomes of *Luzula elegans* ($2n=6$) labelled with the centromere-specific mark H2AT120phos (red) and anti-tubulin (green). The chromosomes are counterstained with DAPI (blue). The model (right) illustrates the structure of a U-shaped bivalent (homologous chromosomes are end-to-end associated). The holocentric bivalents align in such a manner that sister chromatids rather than homologous chromosomes separate during meiosis I (Heckmann, S., M. Jankowska, V. Schubert, K. Kumke, W. Ma & A. Houben; art work by K. Lipfert).



Research Group **Apomixis (APM)**

Head: Prof. Dr. Timothy Sharbel



keywords

APOLLO
Apomixis
Muller's Ratchet
UPGRADE-2

We study plants of the genera *Boechera*, *Hypericum perforatum*, the *Ranunculus auricomus* complex and recently *Poa pratensis*. All groups are characterised by naturally occurring sexual and apomictic members. Our approach to identify apomixis factors is similar to that in human disease research. We have developed a pipeline to compare the expression profiles of live micro-dissected reproductive tissues between sexual and apomictic plants. Using such approaches we have identified the candidate factors **APOLLO** and **UPGRADE2** in *Boechera*. Both genes are currently functionally characterised in *Boechera*, *Arabidopsis*, *Brassica* and *Maize*.

scientists

Dr. Olawale Mashood Aliyu
Jonathan Brassac
Stefanie Hilpert
John Thomson Lovell
Martin Mau
Dr. Lars-Gernot Otto
Dr. Dorota Paczesniak
Rizzo Paride
Marco Pellino

The genus *Boechera*. Using our high throughput seed screening method, in conjunction with custom-made high-density microarrays for tissue-targeted expression analyses, we have identified a single factor each for meiotically unreduced egg (APOLLO) and pollen (UPGRADE-2) production in apomictic *Boechera*. We hypothesize that both factors are required in order to stabilize apomixis through the combined effects of producing a meiotically-unreduced ovule with balanced endosperm formation. Using the APOLLO gene as a surrogate marker for apomixis, we show statistically significant evidence that apomixis has been induced in multiple sexual backgrounds by the introgression of the APOLLO genomic region (Fig. 19). Transformation and/or knockdown experiments of both the APOLLO and UPGRADE-2 factors are ongoing or in planning stages in various species.

In a separate project, we have sequenced 8 genomes each of diploid sexual and diploid apomictic *Boechera* which occur sympatrically in Colorado, with the goal of measuring deleterious mutation accumulation (i.e. Muller's ratchet) which is expected to occur as a result of asexuality. These data have been analysed with respect to phylogenetically distant taxa in order to identify conserved nucleotides (i.e. those with no change across all taxa and sexual *Boechera*). The conserved nucleotide positions were subsequently analysed in all apomictic genomes, and demonstrate strong evidence for mutation accumulation at many thousand sites (Fig. 20).

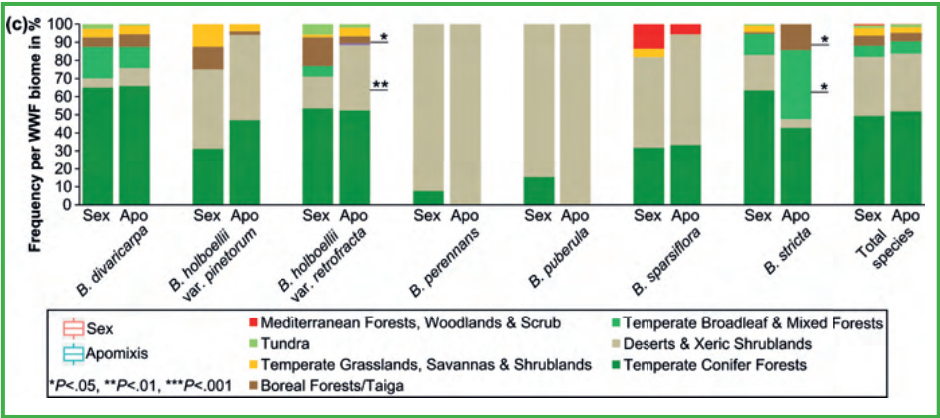


Fig. 19 Repeated transitions of sexuality to apomixis in different species of *Boechnera*, all of which occupy different niches (Mau et al. PNAS 2015).

highlights

Mau, M., J.T. Lovell, J.M. Corral, C. Kiefer, M.A. Koch, O.M. Aliyu & T.F. Sharbel: Hybrid apomicts trapped in the ecological niches of their sexual ancestors. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 112 (2015) E2357-E2365.

funding

DFG, Virgin Plants International

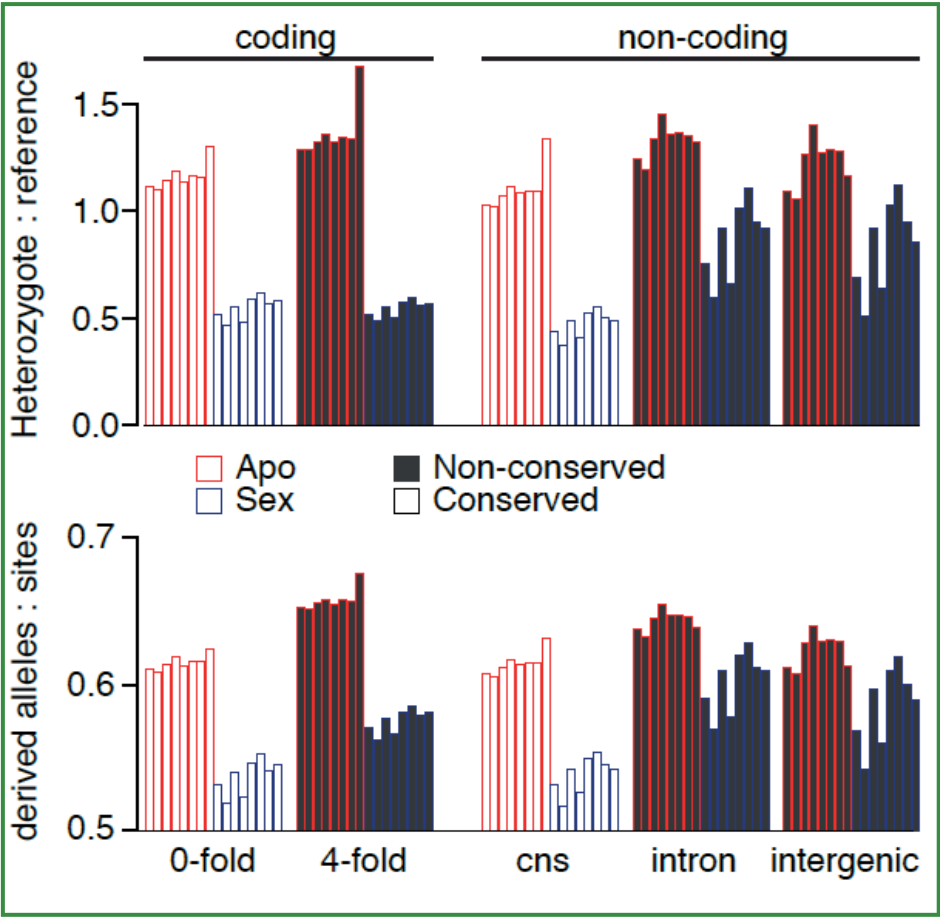
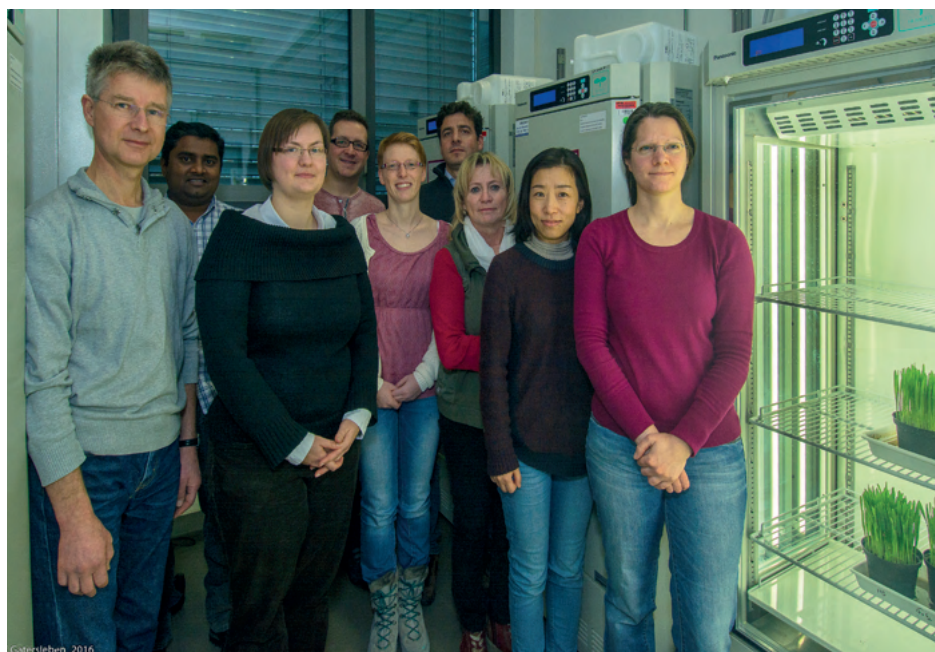


Fig. 20 Consistently elevated ratio of conserved noncoding to 4-fold neutral heterozygous sites in apomictic (red) versus sexual (blue) *Boechnera* from different populations (x-axis).

Research Group Pathogen-Stress Genomics (PSG)

Head: Dr. Patrick Schweizer



keywords

Allele-trait association
Durable resistance
Functional genomics
Molecular plant-pathogen interactions
Triticeae cereals

scientists

Dr. Tobias Baum
Dr. Wanxin Chen
Dr. Dimitar Douchkov
Dr. Daniela Nowara
Jeyaraman Rajaraman
Samuel Hassan Razzak

Research of the group focuses on functional genomics approaches for durable resistance of barley and wheat to important fungal pathogens. By using automated disease phenotyping, (high-throughput) gene silencing, transcript profiling, and allele mining gene discovery is achieved, followed by validation via transgene technology and allele-introgression.

Over the past years the group *Pathogen-Stress Genomics* (PSG) has discovered a total of 51 strong candidate genes for durable forms of resistance that are likely manifestations of PAMP-triggered immunity. The obtained list of top candidates represents a starting point for a number of validation approaches, of which some will be described below.

The five candidate genes HvARM1, HvCs-ID02, HvLEMK1, HvGER4a-d, and *HvLsd1a* were further characterised by using stable RNAi barley lines provided by the IPK group PRB: We could show that stably silenced lines with reduced transcript levels of HvLEMK1 encoding an LRR-malectin-domain receptor-like kinase are susceptible to the non-adapted wheat powdery mildew fungus while the level of quantitative resistance against the barley powdery mildew fungus was not affected. This suggests an important role of HvLEMK1 in signal perception for nonhost resistance of barley. In another example, RNAi lines with the silenced HvGER4a-d gene cluster encoding germin-like proteins with supero-

xide-dismutase activity were super-susceptible to barley powdery mildew. The importance of this gene cluster in quantitative resistance was further substantiated by comparative sequencing of the corresponding genomic region of eight barley accessions including resistance donors and by transient expression of HvGER4 alleles located on bacterial artificial chromosome (BAC) clones from these genotypes. Finally, HvLsd1a was more deeply analysed for its role in quantitative powdery mildew and drought resistance by extended association genetics and in a drought-stress experiment using the IPK *LemnaTec* platform. While we could find no evidence for an important role in drought tolerance of RNAi lines of cv. *Golden Promise* under the selected severe stress conditions, we could identify SNP and gene haplotypes in wild barley (Israeli B1K collection with and w/o additional accessions from fertile crescent) and in a Spanish landrace collection (SBCC) that were significantly associated with powdery mildew susceptibility (Fig. 21).

Several candidate genes, for example HvLs-d1a, might be factors of susceptibility because silencing enhanced resistance. For 10 of these candidates, a triple-target RNAi approach using a novel silencing cassette under the control of the pathogen-inducible HvGER4c promoter was carried out. Resistance phenotyping in the greenhouse revealed that Triple-RNAi construct Nr. 4 targeting HvLs-d1a plus two transcription factors caused enhanced resistance not only against powdery mildew but also against the rice-blast fungus. In a complementary approach we over-expressed different combinations of six resistance-related genes in a novel triple-OEX cassette under the control of the HvGER4b, HvGER4c and HvGER4d promoters. The triple-OEX cassette Nr. 1 containing three genes for cell-wall modifying proteins significantly enhanced resistance to powdery mildew (in collaboration with Technical University of Munich and RWTH Aachen).

In an initial approach to utilise potentially valuable candidate-gene alleles we introgressed seven genes co-localizing with Meta-QTL for multiple pathogen resistance from resistance donors into the susceptible elite genotype KWS BAMBINA. Genes were introgressed in a marker-assisted manner alone or as stacks of up to four. Testing of the introgression lines generated by partners at Martin Luther University Halle-Wittenberg and KWS CEREALS in fields and greenhouses revealed significantly enhanced resistance against powdery mildew, scald and rice blast. Therefore, the introgressed loci (and possibly candidate-gene alleles) improved multiple quantitative resistance suggesting that common defense mechanisms might operate in barley for this trait.

highlights

Publication of a list of strong candidate genes for durable disease resistance (Douchkov et al. 2014).

Start of ERA-CAPS (DFG) project DURESTrit with Patrick Schweizer as coordinator.

Granting of FP8 Marie-Curie ETN Project CEREALPATH

funding

BMBF, DFG, EU

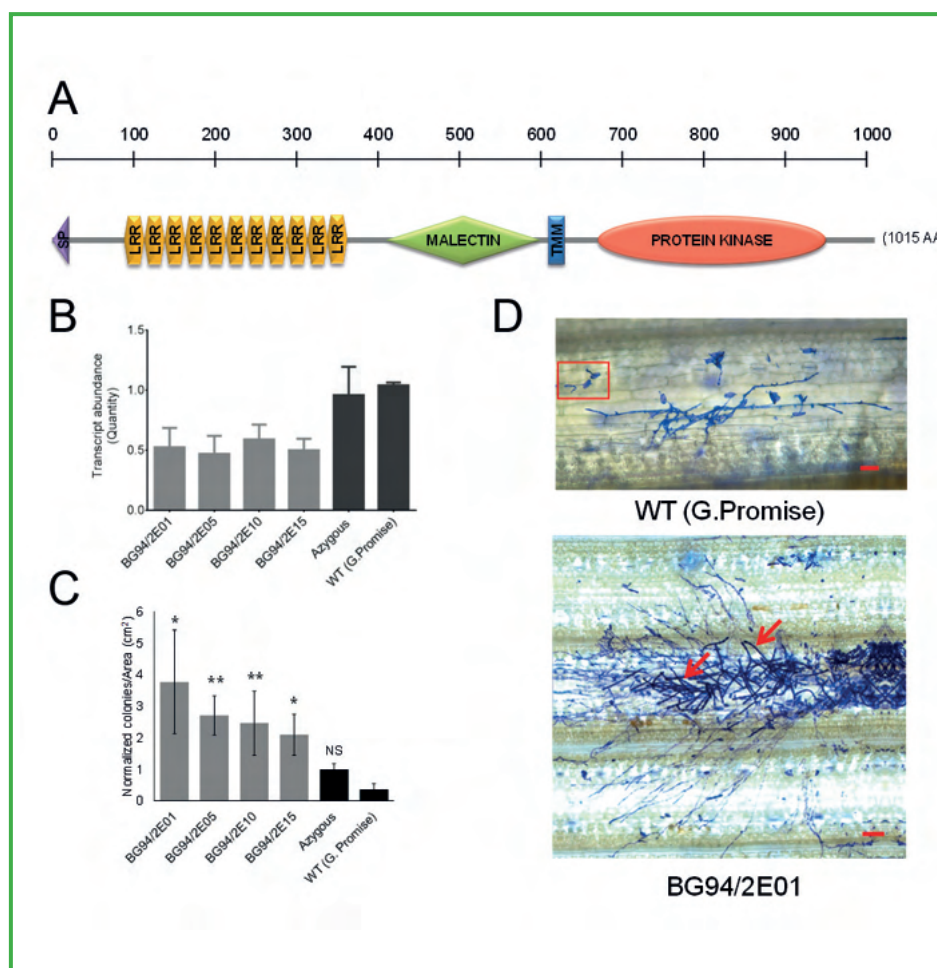


Fig. 21 Silencing of the LRR/ Maleictin receptor-like kinase HvLEMK1 compromises non-host resistance in barley.

(A) Domains of HvLEMK1. SP, signal peptide; LRR, leucine-rich repeat; TMM, transmembrane domain. (B) Reduced HvLEMK1 transcript in stably silenced barley T1 progeny of four primary transformed T0 plants. (C) Enhanced colony formation of the wheat powdery mildew *Blumeria graminis* f.sp. *tritici* (Bgt) on leaves of the same T1 progeny shown in (B). (D) Colony growth of Bgt on wild-type G. Promise plants frequently failed (red frame) or was spurious, whereas it was abundant on leaves of HvLEMK1-silenced plants and associated with conidiospore production (red arrows).

Research Group **Gene and Genome Mapping (GGK)**

Head: Dr. Marion Röder



keywords

Agronomic traits
Cereals
Grain size
Marker-trait associations
Quantitative trait loci

scientists

Dr. Cornelia Jaenecke
Dr. Stephan Marzin
Dr. Jie Ling
Dr. Christine Zanke

The general goal is the exploitation of the natural genetic diversity in plants for identification, genetic mapping and cloning of genes for agronomically important traits in wheat and barley. The current project phase mainly served to establish relationships between various agronomic traits and a new generation of molecular markers for the directed improvement of wheat varieties with the ultimate goal of identifying the causal genes underlying these traits.

Association mapping of agronomic traits in European winter wheat. In collaboration with several companies and the Julius Kühn Institute (JKI) a comprehensive project about the establishment and validation of marker-trait associations in elite germplasm of European winter wheat was conducted. The investigated traits which were evaluated in repeated field trials included yield, yield components, phenological traits, quality traits, resistance to several fungal pathogens and initial assessment of drought stress tolerance. The genotypic marker data consisting of genome-wide SSR-markers and SNP-data of a 90k ILLUMINA iSELECT chip and a 35k Affymetrix chip were linked to the phenotypic data by applying mixed linear models with kinship matrix correction for population structure. For the trait resistance to *Fusarium* head blight genomic selection was applied in collaboration with the group QG. An independent validation panel of wheat varieties was investigated to assess the stability of the detected marker-trait associations. The development of several backcross populations for the validation of selected QTL was conducted.

Development of a 135k Affymetrix chip for SNP markers in wheat. In collaboration with the company *TraitGenetics* GmbH exome capture was applied for the detection of SNP-polymorphisms in 24 selected wheat varieties. A subset of these SNPs was chosen to develop a novel 135k Affymetrix array in wheat. The array was used for genome-wide mapping as well as to target specific genomic regions harboring QTL for thousand grain weight. Backcross lines were developed to validate these genomic regions.

Map-based cloning of a QTL for grain size in wheat. The genomic region of thousand grain weight QTL Q.Tgw.ipk-7D in wheat was cloned in a BAC contig of 38 sequenced BACs in wheat and 16 sequenced BACs of the syntenic region in barley. Synteny was established to the annotated genome sequences of rice, sorghum and *Brachypodium*. A total of 16 candidate genes were detected. Further fine mapping and marker development narrowed down the region to the four most likely candidates, one Zinc Finger Protein 103, a Protein Kinase, an Oxi-

doreductase and a MYB factor. These were characterised by expression analysis in developing grains. Functional verification of the target genes by knockout via the RNA-guided nuclease technology has been initiated (in collaboration with PRB). The developed near isogenic lines carrying Q.Tgw.ipk-7D showed increased thousand grain weight, grain area and grain length, when tested under field like conditions in a green house (Fig. 22). Currently a number of the lines are evaluated for their agronomic performance in the field in collaboration with an industrial partner.

Genetic analysis of anther extrusion in wheat. Anther extrusion is an important trait for the male parent during hybrid seed production in wheat. We started to investigate this trait in various variety panels of spring and winter wheat consisting of genetic resources from the Gene Bank (in collaboration with group RGR) and elite germplasm. Initial analysis of marker-trait associations

confirmed the presence of several QTL loci for anther extrusion, which are currently analysed for their stability and reproducibility.

Other projects and collaborations.

In collaboration with CIMMYT, Mexico, candidate genes for flowering time were applied in a panel of exotic wheat varieties. The goal is to identify varieties and genetic loci which are useful for breeding varieties adapted to drought and heat under changing climate conditions. In collaboration with the research groups SZB and RGR genetic mapping of traits linked to the phenotype *Stabilstroh* in rye was conducted. In a collaboration with CIBNOR, Mexico, QTL for the ability to adhere the soil bacterium *Azospirillum brasilense* to wheat roots were detected in a segregating population. The results play a role for the possible application of *A. brasilense* as biofertilizer.

highlights

Public-private partnership project VALID is one of the most advanced projects about association analysis in European elite wheat germplasm in Europe.

Public private partnership project SELECT results in the development and application of a novel 135k Affymetrix SNP-array for wheat.

Collaboration of groups QG and GGK results in publication about genomic selection for resistance to *Fusarium* head blight in wheat.

DAAD-funded PhD-project about genetic analysis of anther extrusion in wheat was started.

funding

BMBF, DFG, BMZ

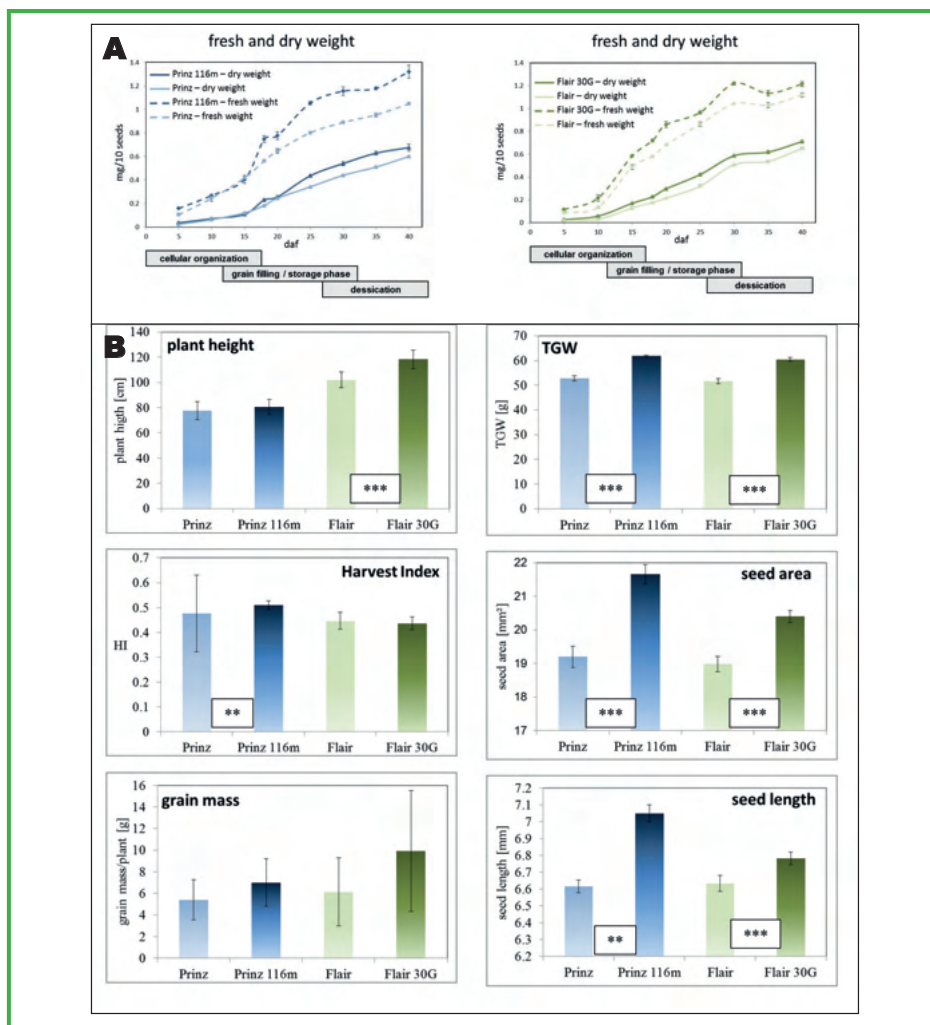


Fig. 22 Characterisation of wheat lines containing grain size QTL *QTgw.ipk-7D*.

(A) Grain development of nearly isogenic lines and recurrent parents. Fresh and dry weight were determined based on 10 kernels per datapoint. Differences between NILs and recurrent parents appear from 18 daf (days after flowering).

(B) Phenotypic analysis of NILs and recurrent parents. Asterisks mark significant differences between the NIL and its respective parent (Cornelia Jaenecke).

Research Group **Genome Plasticity (GP)**

Head: Dr. Renate Schmidt



keywords

Allelic diversity
Expression QTL
Post-transcriptional
gene silencing
Seed yield

The research group focuses on two projects, both of which entail molecular genetic analyses in *Arabidopsis thaliana*. On the one hand allelic diversity of genes involved in post-transcriptional gene silencing is studied and the impact which genetic diversity may have on this process. On the other hand traits of importance for seed and seed yield are analysed via quantitative genetic approaches. In order to gain a deeper understanding of the seed traits of interest this work is complemented by genome-wide transcript profiling of developing seeds.

scientists

Phuong Dung Le
Thanh Loan Le

Characterisation of *Arabidopsis thaliana* introgression lines with an impact on post-transcriptional gene silencing (PTGS). A systematic study of transgene expression and silencing showed that excessive transcription of genes leads to PTGS. Detailed knowledge about PTGS is needed since high and stable of transgenes is an indispensable prerequisite for the use of transgenic plants in research and plant breeding. The analysis of knock-out mutants in the genetic background of reference accession Col-0 revealed many insights into the PTGS pathway. In contrast, little is known about allelic diversity of the relevant genes. Genes which are known or suspected to play a role in PTGS were therefore selected and investigated with respect to sequence variation in 25 *Arabidopsis thaliana* accessions which capture a broad range of genetic diversity in this species. For several of the analysed genes some of the accessions studied carry allelic variants with particularly high sequence divergence when compared to the sequence of accession Col-0. Diverged allelic variants

were introgressed into Col-0 transgenic lines harbouring *GFP* transgenes in order to assess whether and to which extent the allelic variants show an impact on PTGS. Transgenic lines carrying *GFP* transgenes under the control of the CaMV 35S promoter allow the study of post-transcriptional gene silencing in plant populations in a minimally invasive way via fluorescence microscopy. Silencing of the *GFP* transgenes was monitored in the introgression lines throughout development and compared to the performance of the *GFP* transgenes in the Col-0 genetic background. Introgression of allelic variants into Col-0 resulted in several instances in a pronounced effect on gene silencing. The characterisation of the introgression lines with suitable molecular markers revealed which regions of the genome had been introgressed into the Col-0 genetic background. Molecular and genetic analyses are currently underway in order to determine whether the introgressed allelic variant and/or other novel factors are responsible for the observed effect on gene silencing.

Gene-expression QTL in developing *Arabidopsis thaliana* seeds

Genomic regions of importance for seed and yield related traits were identified in *Arabidopsis thaliana* recombinant inbred lines derived from the accessions Columbia-0 and C24 (provided by research group HET). In order to gain a first insight which loci may underlie the traits of interest genome-wide transcript profiles were established with Affymetrix ATH1 arrays for the recombinant inbred lines at a defined stage of seed development. ATH1 arrays are based on the genome sequence of the accession Col-0, thus the features perfectly match the sequences of Col-0 transcripts but not necessarily those of accession C24. As a result comparisons of steady-state transcript levels in the recombinant inbred lines are compromised. This limitation was overcome by considering only those features of the ATH1 array that perfectly matched gene sequences in Col-0 as well as C24 for the analysis of transcript abundance. More than a quarter of the features of the array had to be excluded from the analysis due to sequence differences between the Col-0 and C24 gene sequences. Nonetheless, transcript levels were established for the majority of the genes on the array since each gene is represented by multiple features on the array. It was also possible to exploit a considerable fraction of features on the ATH1 array that matched exactly the gene sequences of Col-0 but not

C24 as sequence feature polymorphisms (SFP) markers. A map encompassing several hundred SFPs was generated and used for composite interval mapping of the expression traits. A comparison of the transcript profiles that had been established for the two parental genotypes revealed only few hundred differentially expressed genes; in contrast, gene-expression QTL (eQTL) were detected for several thousand of the analysed transcripts. Figure 23 shows that the eQTL were not uniformly distributed in the genome, pericentromeric regions were largely devoid of eQTL, regions showing more eQTL than expected by chance were also found. Those eQTL that did not colocalise with the map position of the corresponding gene (eQTL in *trans*) were approximately tenfold more abundant than those that did (eQTL in *cis*), nonetheless, eQTL in *cis* made up approximately one-third of the transcript variation explained by eQTL. The analyses using composite interval mapping are currently complemented by genomic selection approaches (in collaboration with research group QG).

highlights

Identification and characterisation of introgression lines enhancing gene silencing

Gene-expression QTL in developing *Arabidopsis thaliana* seeds

funding

DAAD, MOET

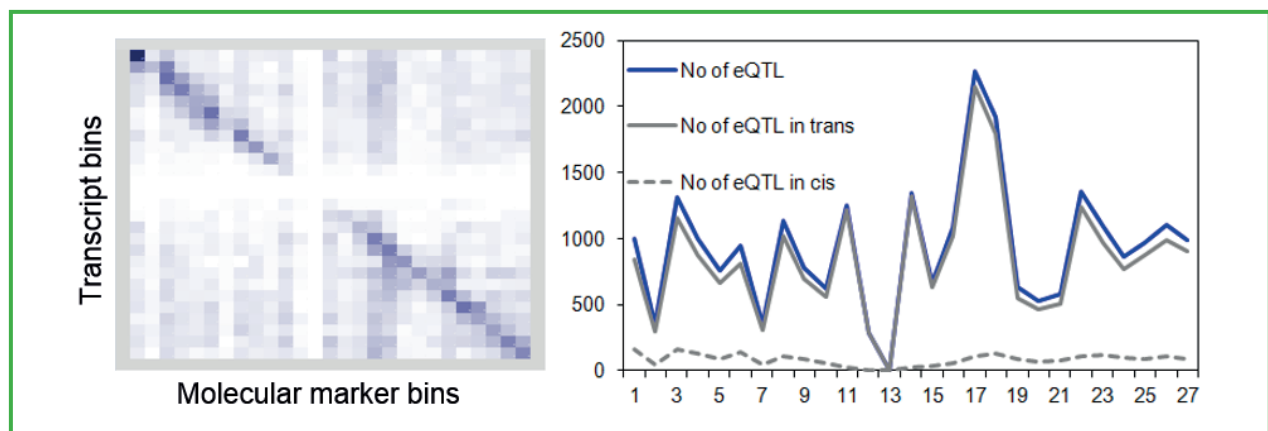


Fig. 23 At the left a heat map of eQTL detected on *Arabidopsis thaliana* chromosome 5 is shown. The chromosome was divided into intervals spanning 1 Mbp each and the eQTL observed for the transcripts and markers mapping to the different regions were counted and plotted. The darker the shading the more eQTL were found. The diagram at the right shows how many eQTL were found in total for the transcripts mapping to the 27 intervals along chromosome 5. eQTL in *trans* are far more abundant than those in *cis*. The region largely devoid of eQTL colocalises with the centromere (in collaboration with the research group QG).

Abteilung Molekulare Genetik

Leiter: Prof. Dr. Thomas Altmann

Department of Molecular Genetics

Head: Prof. Dr. Thomas Altmann

Allgemeine Forschungsziele

Die Forschungsarbeiten der Abteilung *Molekulare Genetik* (MOG) richten sich auf die Analyse und Modulation pflanzlicher Leistungen, indem ertragsbezogene physiologische Prozesse im Kontext wichtiger Entwicklungsprozesse wie dem vegetativen Wachstum und der Samenbildung untersucht werden. Ein wesentliches Ziel ist es, die Regulation der Entwicklungsprogramme und der Stoffwechselprozesse aufzuklären und die gewonnenen Informationen für die Verbesserung von Kulturpflanzen zu nutzen. Die Forschungsstrategie der Abteilung beinhaltet die Integration der Erforschung grundlegender biologischer Prozesse und Phänomene, die Entwicklung und Anwendung neuer Methoden und Verfahren und die Bearbeitung angewandter biotechnologischer Themen.



General Research Goals

The research efforts of the *Molecular Genetics* department are directed towards the analysis and modulation of plant performance addressing yield-related physiological processes in the context of important developmental programs such as vegetative growth and seed formation. A major aim is to uncover the regulation of the developmental programs and the metabolic processes and to use the acquired knowledge for

crop improvement. The research strategy of the department involves the integration of research on basic biological processes and phenomena, the development and application of novel methods and approaches, and work on applied / biotechnological topics.

Developments in 2014/2015

In the years 2014/2015, the three major research areas of the *Molecular Genetics* department, (i) the basic research on the molecular biology and molecular physiology of plant developmental processes, (ii) the research methodology and technology development, and (iii) the biotechnological, application-oriented research have been conducted by a total of eight research groups: *Heterosis* (HET) lead by Prof. Dr. T. Altmann, *Seed Development* (SE) lead by Dr. W. Weschke, *Gene Regulation* (GR) lead by Dr. H. Bäumlein, *Abiotic Stress Genomics* (ASG) lead by Dr. M. Kuhlmann, *Phytoantibodies* (PAK) lead by Prof. Dr. U. Conrad, *Hybrid Wheat* (HW) lead by Dr. M. Gils, *Plant Bioinformatics* (PBI) lead by Prof. Dr. F. Schreiber, and *Image Analysis* (BA) lead by Dr. C. Klukas. The composition of the department has changed substantially during these two years, as the third-party funded HW group completed its efforts in May 31st, 2014, the PBI group was closed due to the appointment of the group leader to the University of Melbourne (Australia), and the ASG group funded by the *Interdisciplinary Center of Crop Plant Research* (IZN) of the Martin Luther University of Halle-Wittenberg was installed as an independent junior research group by January 2015 according to a new organizational structure of the IPK. Furthermore,

Entwicklungen im Berichtszeitraum

In den Jahren 2014/2015 wurden die drei Hauptforschungsbereiche der Abteilung *Molekulare Genetik*, (i) Grundlagenforschung zu Molekularbiologie und molekularen Physiologie pflanzlicher Entwicklungsprozesse, (ii) Entwicklung von Forschungsmethoden und -technologien und (iii) biotechnologische anwendungs-orientierte Forschung, durch insgesamt acht Arbeitsgruppen ausgeführt: Ag *Heterosis* (HET) geleitet durch Prof. Dr. T. Altmann, *Samenentwicklung* (SE) geleitet durch Dr. W. Weschke, *Genregulation* (GR) geleitet durch Dr. H. Bäumlein, *Abiotische Stress-Genomik* (ASG) geleitet durch Dr. H. Kuhlmann, *Phytoantikörper* (PAK) geleitet durch Prof. Dr. U. Conrad, *Hybridweizen* (HW) geleitet durch Dr. M. Gils, *Pflanzenbioinformatik* (PBI) geleitet durch Prof. Dr. F. Schreiber, und *Bildanalyse* (BA) geleitet durch Dr. C. Klukas. Die Zusammensetzung der Abteilung hat sich in den beiden Jahren substanziell verändert, da die drittmittelfinanzierte Ag HW ihre Arbeiten zum 31. Mai 2014 abgeschlossen hat, die Ag PBI auf Grund der Berufung des Gruppenleiters an die Universität Melbourne (Australien) geschlossen wurde, und die durch das *Interdisziplinäre Zentrum für Kulturpflanzenfor-*

schung (IZN) der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg finanzierte Ag SGN zum Januar 2015 gemäß der neuen Organisationsstruktur des IPK in eine unabhängige Nachwuchsgruppe überführt wurde, die jedoch weiterhin mit der Abteilung MOG assoziiert ist. Ferner hat der Leiter der Ag BA das IPK zum Mai 2015 verlassen, um eine Stelle bei der *LemnaTec* GmbH anzutreten und die Leiterin der Ag SE ist zum Ende des Jahres 2015 in den Ruhestand getreten. Die somit initiierten Veränderungen in der Abteilung werden sich in 2016 mit der Einrichtung der neuen Bioinformatik-Gruppe *Netzwerkanalyse und Modellierung* (NAM) geleitet durch Dr. A. Bräutigam (ab 01.01.2016) und die neue Ag *Assimilat-Allokation und NMR* (AAN) geleitet durch Dr. L. Borisjuk (ab 01.01.2016) sowie die Berufung neuer Gruppenleiter/innen der Ag BA und SE fortsetzen.

Im Forschungsbereich der Molekularbiologie und Stoffwechselphysiologie pflanzlicher Entwicklungsprozesse werden molekulare Kontrollmechanismen der Gametophytenentwicklung, der frühen Embryogenese und der Apomixis aufgeklärt, genetische Ursachen und molekulare Mechanismen der Variation von vegetativem Wachstum und von Stoffwechselleistungen untersucht und Signale und Regulationsmechanismen der Samenentwicklung, der Assimilatallokation und der Speicherstoffakkumulation unter günstigen und ungünstigen Umweltbedingungen analysiert. Wesentliche Ergebnisse beinhalten die Identifizierung und Charakterisierung von neuartigen pflanzenspezifischen transkriptionellen und epigenetischen Regulatoren und von Faktoren des Imports, der Allokation und der Remobilisierung von Assimilaten, die Aufklärung von Mechanismen der Stoffwechselregulation und der Anpassung an fluktuierende Assimilatversorgung sowie die detaillierte Analyse komplexer genetischer Loci, welche Aposporie oder Heterosis vermitteln. Im Bereich der biotechnologischen, anwendungsorientierten Forschung richten sich die Arbeiten auf das *Phyto-F(Ph)arming*, d.h. auf die Produktion neuartiger pflanzlicher Inhaltsstoffe für pharmazeutische und industrielle Anwendungen sowie die Steigerung des Ertrages, der Ertragsstabilität und der Qualität von Samen und deren Inhaltsstoffen, insbesondere deren Proteingehalt.

Für das Forschungsprogramm der Abt. MOG und des gesamten Instituts ist die Entwicklung und Anwendung bioinformatischer Verfahren in den Bereichen der integrativen Bioinformatik, der Netzwerkanalyse und Modellierung (Datenrepräsentation und -integration, Visualisierung und Exploration, Analyse und Simulation), der Analyse von RNA-, Protein- und Metabolitprofilen sowie der hoch effizienten Bildanalyse von zentraler Bedeutung. Ferner stützen sich alle Untersuchungen biologischer Fragestellungen auf die Entwicklung und Einrichtung neuer experimenteller Ressourcen, Technologien und Methoden. Zu den von MOG-Gruppen

the BA group leader left IPK to take up a position at *LemnaTec* GmbH (Aachen) by May 2015 and the SE group leader retired by the end of 2015. The transitions thus initiated within the department will continue in 2016 with the establishment of the new bioinformatics group *Network Analysis and Modelling* (NAM) lead by Dr A. Bräutigam (from 01-01-2016) and the new *Assimilate Allocation and NMR* (AAN) group lead by Dr. L. Borisjuk (from 01-01-2016) and the appointment of new group leaders of the BA and SE groups.

In the research area of molecular biology and metabolic physiology of plant developmental processes, molecular control mechanisms of gametophyte development, early embryogenesis, and apomixis are elucidated, genetic causes and molecular mechanisms of vegetative growth and metabolic performance variation are analysed, and signals and control mechanisms of seed development assimilate allocation, and storage compound accumulation under optimal and suboptimal environmental conditions are elucidated. Major achievements include the identification and characterisation of novel plant specific transcriptional and epigenetic regulators, of signal transduction components and phytohormonal regulation mechanisms, and of factors of assimilate import, allocation and re-mobilization, the elucidation of metabolic regulation and of adjustment mechanisms to fluctuating assimilate supply, and the detailed analyses of complex genetic loci conditioning apospory or heterosis. In the biotechnological, application-oriented research field, work is done on *Phyto-F(Ph)arming* (production of novel products for pharmaceutical or industrial applications in plants) and on the improvement of yield, yield stability (especially under conditions of drought) and quality of plant seeds and their constituents (in particular their protein content).

Indispensable for the research program of the MOG department and of the entire institute are the development and application of bioinformatic procedures in the area of integrative bioinformatics, network analysis, and modelling (data representation and integration, visualisation and exploration, analysis and simulation), analysis of RNA-, protein- and metabolite-profile data, and highly efficient image analysis. Furthermore, all investigations of biological topics rely very strongly on the development and implementation of experimental resources, technologies, and methods. Among others, the research infrastructures and approaches established and provided by MOG groups include microsampling and analysis, NMR-based visualisation of structures and localisation and quantification of content substances, GC-MS and LC-MS-based metabolite analytics, microsensorics, immunological techniques, and platforms and procedures for automated non-invasive phenotyping (Fig. 24). The latter relates to a IPK-wide initiative that is co-ordinated by the MOG Dept., where it is predominantly implemented on the large and complex

etablierten und bereitgestellten Infrastrukturen und Verfahren zählen u.a. Mikroprobennahme und -analyse, NMR-basierte Visualisierung von Strukturen und Inhaltsstofflokalisierung und -quantifizierung, GC-MS- und LC-MS-basierte Metabolitanalytik, Mikrosensorik, immunologische Verfahren, sowie Plattformen und Verfahren für die automatisierte nicht-invasive Phänotypisierung (Fig. 24). Letzteres bezieht sich auf eine IPK-weite Initiative, die von der Abt. MOG koordiniert wird. Hier sind vornehmlich die Verfahren in den großen und komplexen *LemnaTec* basierten Installationen für kleine, mittlere und große Pflanzen eingerichtet, die verschiedene Arten von Bilddaten liefern, welche in hohem Durchsatz aufgenommen werden und durch die eingerichtete hochentwickelte Bildanalyseplattform (IAP) verarbeitet werden. Die institutsweiten Plattformen wurden durch das BMBF-geförderte Projekt *Deutsches Pflanzen phänotypisierungs-Netzwerk* (DPPN; <http://www.dppn.de>) sehr stark aufgerüstet und erweitert, das in enger Kooperation mit Arbeitsgruppen am Forschungszentrum Jülich und dem Helmholtz Zentrum München ausgeführt wird. Sie bildeten ferner die Grundlage für die Beteiligung des IPK im *Europäischen* (EPPN; <http://www.plant-phenotyping-network.eu/>) und *Internationalen* (IPPN; <http://www.plant-phenotyping.org/>) *Pflanzenphänotypisierungs-Netzwerk* und für vielfältige Zusammenarbeiten mit internen und externen Partnern. Eine weitere wesentliche, durch das MOG-DPPN-Projekt getriebene Erweiterung der Pflanzenphänotypisierungsinfrastruktur erfordert den Bau der neuen Pflanzenkulturhalle des IPK (Beginn im Juni 2014, Fig. 25). Über MOG ist das IPK auch Partner des ESFRI-Projektes EMPHASIS für den Aufbau der europäischen Pflanzenphänotypisierungs-Infrastruktur.

LemnaTec based installations (for small, medium and large plants). They yield various types of image data on plants captured in high throughput and processed through the implemented highly advanced image analysis platform (IAP). The institute-wide platforms have been very substantially upgraded and expanded through the BMBF-funded *German Plant Phenotyping Network* (DPPN; www.dppn.de) project carried out in close co-operation with research groups at the Forschungszentrum Jülich and the Helmholtz Zentrum München. It furthermore formed the basis for the participation of IPK in the *European* (EPPN; <http://www.plant-phenotyping-network.eu/>) and *International* (IPPN; <http://www.plant-phenotyping.org/>) *Plant Phenotyping Networks* and for numerous collaborations with internal and external partners. A further major expansion of the IPK plant phenotyping infrastructure driven through the MOG DPPN project requires the construction of the new *Plant Cultivation Hall* of IPK (started in June 2014, Fig. 25). Through MOG, IPK is also partner of the ESFRI-project EMPHASIS for construction of the European plant phenotyping research Infrastructure.

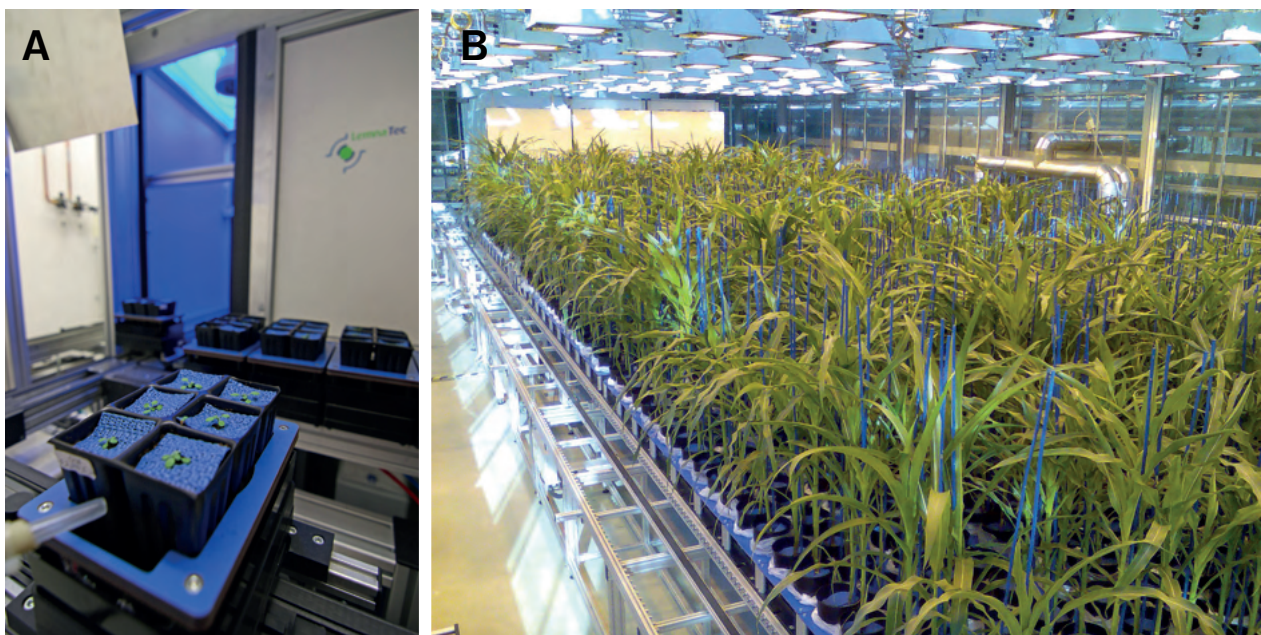


Fig. 24 System zur automatisierten Phänotypisierung kleiner (A) und großer (B) Pflanzen im Hochdurchsatz im IPK Gewächshaus. High throughput plant phenotyping systems for small (A) and large (B) plants in IPK glass house.



Fig. 25 Richtfest der IPK Pflanzenkulturhalle am 12. September 2014.

Topping out ceremony of IPK's IPK Plant Cultivation Hall on 12 September 2014.

Research Group **Heterosis (HET)**

Head: Prof. Dr. Thomas Altmann



keywords

High throughput plant
phenotyping
NMR-based modelling
Plant metabolism
Seed filling
Vegetative growth

Aiming at the identification of factors controlling plant performance characteristics, genetic/genomic approaches are followed to detect vegetative growth and metabolism controlling genes. Major emphasis is on loci contributing to heterosis and the discovery of the underlying molecular and physiological mechanisms in *Arabidopsis*, maize, and oilseed rape. Another major focus is on central metabolic and regulatory processes governing the accumulation of lipids and other storage products in seeds of oil/cereal crops. A broad range of molecular biological, biochemical, non-invasive phenotyping, and topographical techniques are established and used.

scientists

Dr. Lothar Altschmied
Dr. Lioudmilla Borisjuk
Ronny Brandt
Dr. Nicolas Heinzel
Marc Heuermann
Jeon Hea-Jung
Dr. Astrid Junker
Christina König
Dominic Knoch
Tobias Meitzel
Dr. Rhonda Meyer
Eberhard Munz
Moses Mahugu Muraya
Dr. Ruslana Radchuk
Dr. Volodymyr Radchuk
Dr. David Riewe
Dr. Hardy Rolletschek
Dr. Mario Rosso
Dr. Miroslava Rubtsova
Dr. Rongli Shi
Dr. Henning Tschiersch
Kathleen Weigelt-Fischer

Within the longstanding effort on the analysis of causal genetic loci of the strong heterosis for early biomass accumulation shown in F1 hybrids between the *Arabidopsis thaliana* accessions C24 and Col-0 (Meyer et al. 2012), detailed characterisation of 14 genes located in the strongest detected QTL region (chromosome IV; Meyer et al. 2010) involved large scale growth phenotyping of k.o. mutants, test crosses thereof and populations of transgenic plants (Jeon 2015) using automated plant phenotyping systems (*LemnaTec*, Fig. 26). The results indicate that this is a very complex locus probably involving a regulatory network of multiple genes and epistasis with other loci. In cooperation with the IPK GP group the analysis has been expanded to the seed metabolome, which resulted in the detection of 786 mQTL and several epistatic interactions (Knoch 2014). Furthermore, targeted analyses of individual genes or gene families controlling plant growth and/or metabolism were done: In cooperation with the

group SGN, the ectopic expression of the *A. thaliana Enhancer of RNAi (AtERI)* was shown to enhance degradation of 21-nt RNAs and to increase plant sizes (Meyer et al. 2015) hinting to further growth regulatory genes. Analysis of the polar metabolome and tocopherols in 13 T-DNA insertion mutant lines covering the entire six membered *A. thaliana tyrosine aminotransferase (TAT)* gene family revealed the predominant role of TAT7 (encoded by *At5g53970*; Riewe et al. 2012) in determining tyrosine and tocopherol contents in shoots and seeds (Heuermann 2014).

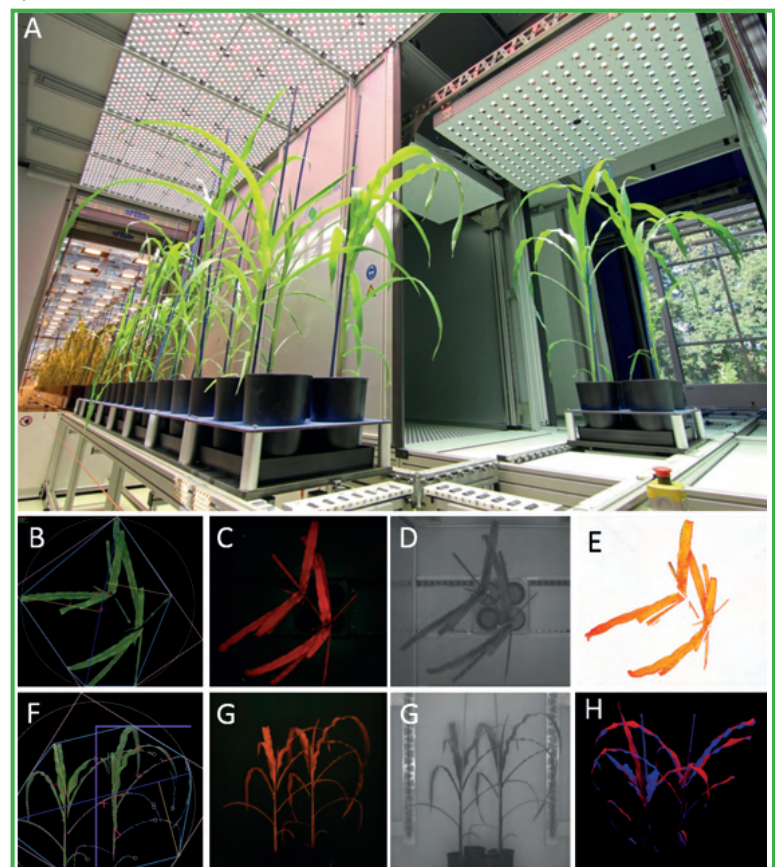
Detailed genetic and phenotypic characterisation of diverse collections of maize inbred lines, DH lines and testcrosses thereof was done within the OPTIMAL and PLANT-KBBE CornFed cooperation projects: 50k SNP genotype data were collected for more than 1000 inbred lines (Rincent et al. 2014a, 2014b; Revilla et al. 2014) and through re-sequencing of 4,648 genes possibly affect-

ting biomass production in 21 inbred lines 383,145 putative single-nucleotide polymorphisms (SNPs) were detected (Muraya et al. 2015). 265 inbred lines were characterised in detail for their progressive biomass accumulation, water consumption, and water use efficiency using the established IPK high-throughput plant phenotyping platform (Junker et al. 2015). This unique research infrastructure has also been used in numerous collaborative experiments performed within the *European Plant Phenotyping Network* (EPPN; e.g. Muscolo et al. 2014), as *Short Term Scientific Missions* of the COST Action FA1306, with other external partners (e.g. Schilling et al. 2015), and in internal bilateral projects (e.g. Harshavardhan et al. 2014). It has been very substantially advanced and upgraded with several novel imaging and environmental sensors within the BMBF-funded *German Plant Phenotyping Network* (DPPN). Together with further novel installations to be set up in the new *Plant Cultivation Hall* of IPK (construction started in June 2014) it will also constitute a major component of the European plant phenotyping research Infrastructure developed by the EMPHASIS project (recently approved for the 2016 ESFRI Roadmap update).

The work on seed (lipid) metabolism strongly relies on noninvasive imaging tools (NMR, sensors). This key technology supports (a) quantification of lipid gradients, (b) visualisation of metabolic compartmentation, and (c) high-throughput screening of major seed traits. By linking NMR with state-of-the-art mass spectrometry and metabolic modelling approaches, it was demonstrated that the various components of cereal grains employ distinct metabolic strategies to deal with diurnal variation in incident light and the consequential variation in the supply of assimilate to the ear (Rolletschek et al. 2015). A model for metabolic flux control in *Brassica napus* was established in a long-term collaborative project on the analysis of central metabolism in developing oilseeds (Schwender et al. 2015). It appeared that post-translational mechanisms (both allosteric interactions and protein modification) are of highest relevance for regulating seed metabolism (Schwender et al. 2014; Lorenz et al. 2014). Furthermore,

new light was shed on the functionality of individual seed organs (Radchuk & Borisjuk 2015). The established methods and technologies were further applied in various collaborations with groups of the IPK *Gene Bank* department, aiming at better characterisation and management of the available germplasm resources (Rolletschek et al. 2015; Keller et al. 2015; Subbarayan et al. 2015; Nagel et al. 2015). The exploration of yield-related parameters in novel germplasm of wheat and rapeseed is performed within industry-funded projects. Furthermore, new projects relying on intense collaboration within IPK as well as external partners have been initiated to establish novel methods/technologies (NMR imaging, spectroscopy), to evaluate processes governing seed set in cereals, to analyse major seed traits in cereals in high-throughput, and to evaluate promotor activity profiles in cereals/oilseeds.

Fig. 26 IPK high throughput phenotyping facility for large plants with a multi-sensor setup combining imaging in the visible (VIS) and near infrared (NIR) spectral range, static fluorescence (FLUOR) and dynamic / functional chlorophyll fluorescence (fCHL-FLUOR), and 3D laserscanner imaging (*DualScan*). (A) light adaption area and LED panel with *FluorCam* for the analysis of photosynthetic performance. (B) VIS top and (F) side view image after segmentation and plant feature extraction. (C) FLUOR top and (G) side view. (D) NIR top and (G) side view. (E) False color representation of photosystem II operating efficiency (from fCHL-FLUOR). (H) 3D representation of two maize plants (from *DualScan*) with red and blue regions detected by either of the two combined laser scanners.



highlights

Construction start of the IPK Plant Cultivation Hall in 2014

Positive midterm evaluations of EPPN and DPPN

Approved as partner of EMPHASIS – a research infrastructure proposal to the 2016 ESFRI Roadmap in December 2015

funding

DFG, BMBF, BMWi, EU, Industry

Research Group Seed Development (SE)

Head: Dr. Winfriede Weschke, Dr. Hans Weber



keywords

C and N assimilate transport

Cereal grain development

Communication of seed differentiation and growth

Hormone-transcriptional interactions of grain growth

Key regulators of grain yield formation

C and N assimilate transport

Sink-source interactions

scientists

Yemisrach Melkie Abebaw

Franka Andersch

Stefan Kohl

Maria Isabel Mora Ramirez

Dr. Ruslana Radchuk

Dr. Johannes Thiel

Van Tran Thi Thuy

Dr. Hans Weber

Heiko Weichert

General goal is to understand regulatory networks and signal transduction of cereal grain development and differentiation with the long-term aim to improve seed yield and quality. Thereby, hormone physiology, metabolic networks and functional genomics are integrated towards identifying key genes and regulators of the yield-related parameters grain shape and size. Sink-induced assimilate transfer and remobilisation are investigated and manipulated in order to identify bottlenecks for grain assimilate uptake. New wheat lines with altered assimilate partitioning are explored under field conditions.

Signal transduction and hormonal regulation. Assimilate supply to reproductive organs strongly control cereal yield by affecting grain number, size and weight. Understanding the molecular basis and regulatory networks triggering differentiation of transfer tissues is a prerequisite for yield improvement.

Tissue-specific Next Generation Sequencing identified *Two Component Signaling* (TCS) phosphorelays as major signal transduction pathway in differentiating barley endosperm transfer cells (ETCs). ETC-specific co-expression modules of TCS-elements and protein-protein interactions identified signaling elements participating in distinct phosphorelays. Hormone-dependent transcriptional activation and correlative data revealed crosstalk of ABA/ethylene and TCS elements during ETC differentiation (Thiel 2014). Knock-down of histidine kinase (HvHK1) impairs cell differentiation in central ETC, abolishes cell wall ingrowths and produces smaller grains with reduced starch. TALEN-induced gene modifi-

cation of type-C response regulator HvRR15 produced an endosperm-specific phenotype and disrupts central endosperm and abnormal aleurone differentiation in the wing region. The transgenic models demonstrate a decisive role of TCS components in ETC differentiation and are basis and core of a submitted DFG proposal.

The nucellar projection (NP) of barley links maternal and filial grain organs, transferring assimilates and signals from pericarp to endosperm (Fig. 27). Prior to storage, the NP undergoes dynamic and regular differentiation forming a characteristic pattern of proliferating, elongating, and disintegrating cells. Differentiation of NP is driven by a specific shift from lower to higher GA:ABA ratios. The spatial-temporal change of the GA:ABA balance is essential for differentiation gradient formation and prerequisite for orderly transfer through the NP (Weier et al. 2014).

Key regulators determining grain shape and size.

Shape of maternal pericarp affects cereal grain mass and yield. Barley pericarp growth characteristics and dynamics were analysed by magnetic resonance imaging (MRI) displaying tissue regions actively elongating in specific temporal-spatial patterns. Correlation analysis of MRI signals and growth rates reveals that longitudinal growth is mediated by dorsal and lateral rather than ventral regions obviously mediated by unidirectional auxin import. Growth towards thickening is related to ventral regions and GA accumulation. Stage-specific mRNA profiling of pericarp development revealed particular candidates responsible either for dorsal-mediated early growth in length or ventral-mediated late growth in width (Pielot et al. 2015). A list of candidate genes summarises key findings of growth and grain filling and was provides the basis for future cooperation with a breeding company.

Assimilate transfer. Yield potential was analysed of novel winter wheat lines (HOSUT) expressing a barley sucrose transporter controlled by Hordein B1 promoter under field-like conditions. Grain yield was increased by 20-30%, together with higher iron and zinc concentrations compared to the non-transformed control (Saalbach et al. 2014). These findings triggered cooperation with a breeding com-

pany. Furthermore, field trials are planned to analyse performance of transgenic lines in the field in 2016 together with AGROSCOPE (Zürich).

Remobilization of assimilates and sink-source relationships. During grain filling of barley, carbon and nitrogen compounds are remobilized from flag leaf, awn and glumes and transported to grains. 454-sequencing identified specific AAT-type transporters relevant for nitrogen translocation. Transcript profiling of glumes and endosperm uncovered signals and assimilate transporters, involved in coordinating metabolism and assimilate translocation between the two tissues (Kohl et al. 2012, 2015). Sink to source transition in glumes is accompanied by changing expression of nitrogen transporters and distinct glume-specific pathways for remobilisation of resources. It is suggested that grain filling and filial sink strength coordinate these phases in glumes via metabolic, hormonal and transcriptional control (Kohl et al. 2015). Specific N transporters are currently validated by knock-down approaches in barley. Preliminary results confirm a role in remobilisation and N transport during grain filling. The transgenic models are the basis to identify candidates/signalling compounds mediating sink and source organ communication.

highlights

Hormone-mediated growth dynamics of the barley pericarp

Research transfer into agricultural application in cooperation with breeding companies

Field testing of performance of transgenic wheat

funding

DFG, Leibniz, DAAD, BMWi, ZIM (Zentrales Innovationsprojekt Mittelstand), Ministry of Education and Training Viet Nam, Industry (Bayer)

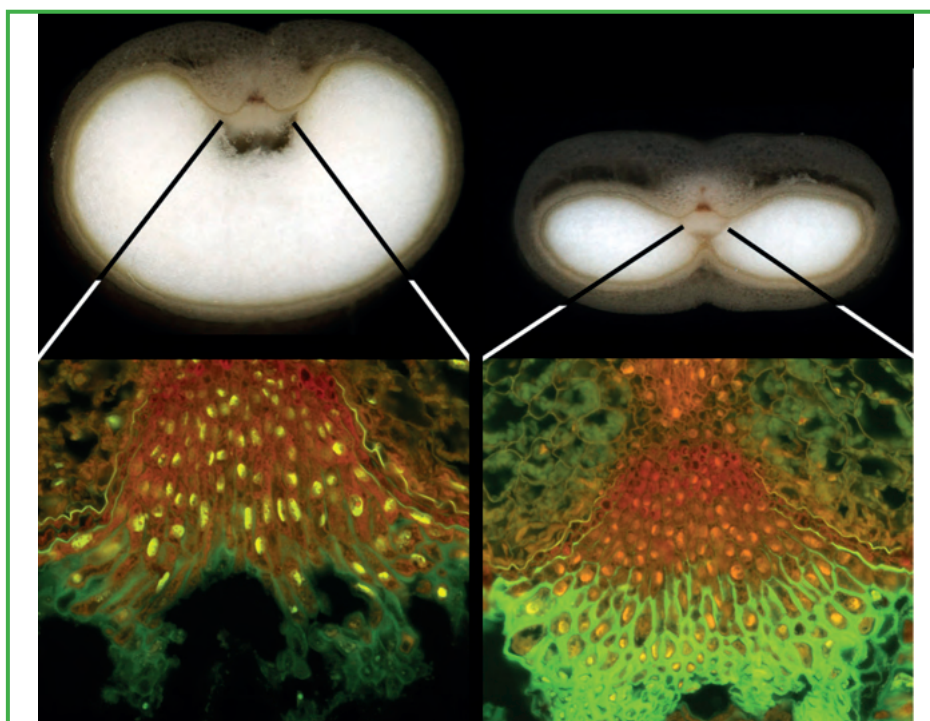


Fig. 27 Cross-sections through developing grains of the barley endosperm mutant *seg8* and the respective wild type Bowman. A, Median cross section through a developing Bowman (left) and a *seg8* caryopsis at 13 days after flowering (DAF). B, Nucellar projection (NP) of the respective grain, detail of (A) stained by acridine orange, red, RNA; yellow, DNA; green, auto-fluorescence of cell walls. Note the differences of cell elongation of type II cells of both genotypes (white arrows). At 13 DAF, type II cells of the Bowman NP are clearly elongated, but only minor cell elongation is visible in the NP of *seg8*. The *seg8* phenotype is caused by impaired NP differentiation and related to an imbalance of the ABA:GA ratio (Weier et al. 2014).

Research Group **Gene Regulation (GR)**

Head: Dr. habil. Helmut Bäumlein



keywords

Gametophyte
Egg cell
Differentiation
Apomixis
Epigenetic regulation
Reproductive processes

scientists

Dr. Francisca Tedeschi
Paride Rizzo

We focus on the molecular dissection of genetic and epigenetic pathways that control sexual and asexual plant reproductive development. To answer our research questions we use genetic, molecular and imaging techniques in the model plant *Arabidopsis*, the parthenogenetic *Salmon wheat* lines as well as the two apomictic species *Hypericum* and *Boechera*.

In *Hypericum*, we characterised the HAPPY locus which co-segregates with apospory, an important component of apomixes. The apo-linked allele contains destroyed genes, is enlarged by the insertion of copia-like transposons and composed of three contributing sexual loci. To improve assembly and annotation two overlapping BACs (in total 0.6 Mb) of the aposporous allele have been reanalysed by mate paired sequencing (in cooperation with research group HET). Deep RNA sequencing has been performed on carefully characterised reproductive organs at different developmental stages with the aim of identifying candidate genes of critical importance for the occurrence of aposporic events (in cooperation with research group HET).

Another approach concerns the identification of regulatory networks that control gametophytic development (Fig. 28). Based on egg cell specific genes of wheat, we continue to characterise a class of gametophytic transcription regulators, the RKD factors, of *Arabidopsis*. The plant-specific occurrence, egg-cell specific expression, the mis-expres-

sion phenotype and evolutionary conservation identify RKD factors as key regulators of female gamete identity. Ectopic expression of RKD genes causes the reprogramming of sporophytic cells to adopt aspects of egg cell identity. In total we have isolated and characterised 12 T-DNA insertion alleles and one TILLING allele of all five RKD genes. An approach to isolate additional alleles using the TALEN technique failed and is currently replaced by the CRISPR-CAS9 approach with first observations being promising. Due to functional redundancy we have used selected alleles to generate various double mutant combinations. Interestingly, these mutants exhibit heterochronic shifts in gametophyte developmental as well as arrest at the stage of the functional megaspore. The mutants are analysed based on gametophytic marker lines specifying the functional megaspore, central cell, synergids and egg cell. In addition to the previously used markers we currently apply more advanced constructs with nuclei-located reporters.

We have progressed in the functional characterisation of the EFFECTOR OF TRANSCRIPTION (ET) gene family. ET factors function as novel gene regulators and participate in the control of cell differentiation, including processes during plant reproduction. We have isolated and analysed in total 5 T-DNA insertion alleles as well as double mutants for the three genes in the *Arabidopsis* genome. Mutant analyses of the *Arabidopsis* ET gene family revealed pleiotropic developmental effects including failure in polar nuclei fusion required for double fertilization and endosperm development. Mutants exhibit a conspicuous homoeotic transformation of flower organs with anthers transformed into carpel-like structures. The endosperm nuclei of the mutants exhibit unusually large nucleoli probably indicating a high synthetic activity. The mutants germinate precociously with the cotyledons and not the root tip penetrating the seed coat first. Comparative molecular analyses including deep RNA sequencing and genome-wide methylation studies have

been performed and reveal a strong ET1-specific induction of Athila transposon expression. The results suggest that ETs act as novel epigenetic regulators of genomic DNA methylation and are required for normal plant development (in cooperation with research groups HET and SGN).

We have contributed to the analysis of drought stress responsive genes by providing mutant alleles of the BURP genes USPL1 and RD22 (in cooperation with research group SGN). The data show that both genes act as suppressors in the ABA mediated drought response of *Arabidopsis*.

highlights

Gametophytic cell specific markers

Epigenetic regulator of reproductive processes

Transcriptional analysis of sexual and apomictic ovules

funding

DFG

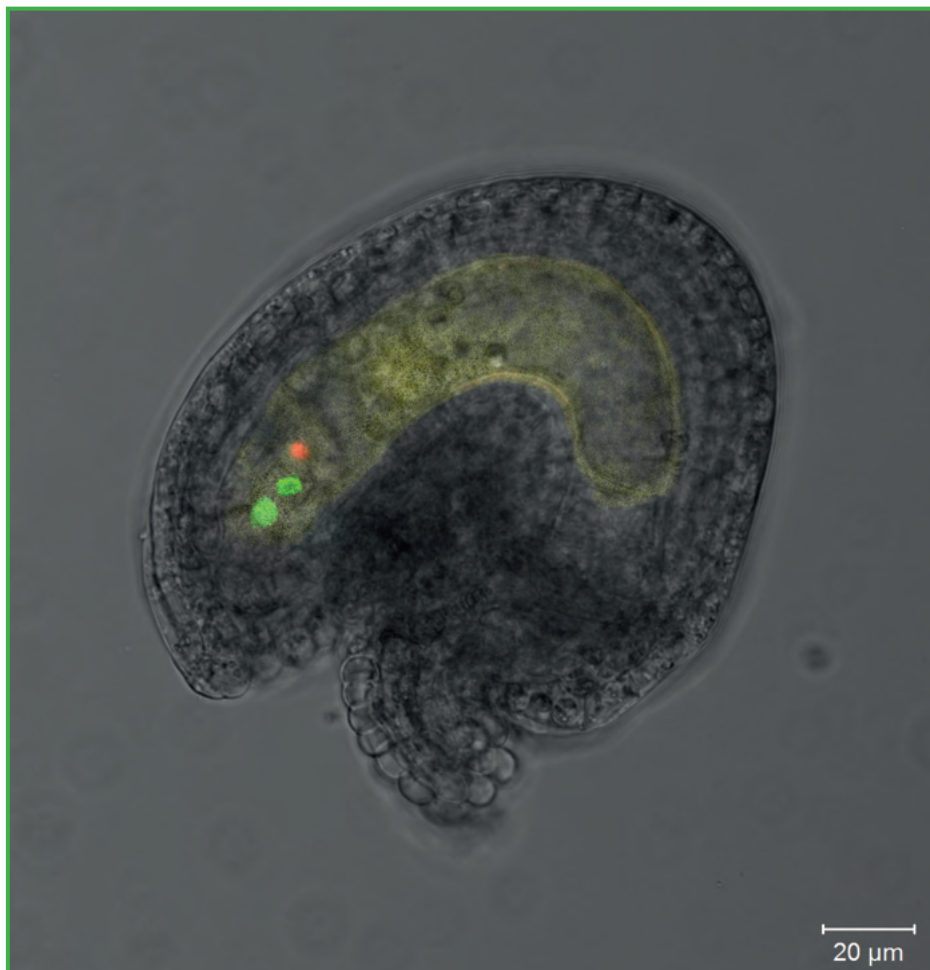
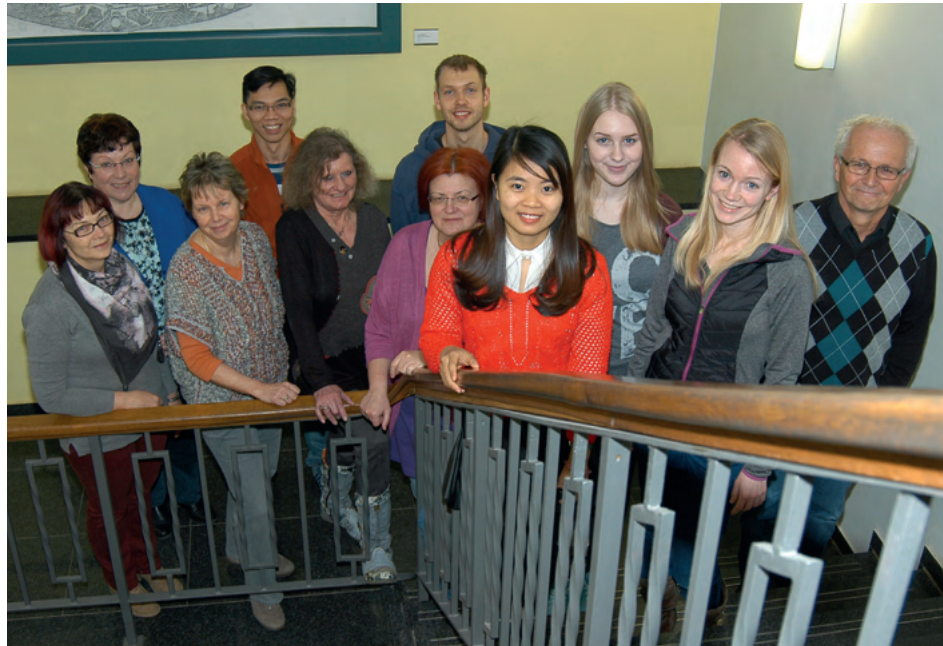


Fig. 28 Nuclei-specific fluorescent marker line used to study the female gametoe development in *Arabidopsis thaliana*. In green: synergid cells; in red: egg cell; in yellow: cntral cell (Dr. Francesca Tedeschi, Dr. Twan Rutten).

Research Group **Phytoantibodies (PAK)**

Head: Prof. Dr. Udo Conrad



keywords

Spider silk proteins

Nanobodies

Avian Flu haemagglutinin

scientists

Dr. Bianca Baudisch

Valeska Hauptmann

Dr. Trong Hoang Phan

Dr. Isolde Saalbach

Dr. Nicola Weichert

The main research goals of the *Phytoantibodies* (PAK) group are the production of recombinant fiber proteins and recombinant vaccines in transgenic plants and the directed proteolysis of proteins in transgenic plants.

Molecular Farming experiments were performed with recombinant spider silk proteins to develop new materials for technical and medical purposes in plants. A set of MaSp-like proteins (VSO1) has been produced as ELPylated fusion proteins in transgenic tobacco plants and purified. VSO1 that contains repetitive motifs of MaSp1 has been synthesized and combined to form multimers of distinct lengths, which were heterologously expressed as elastin-like peptide (ELP) fusion proteins in tobacco. The elastic penetration moduli of layered proteins were analysed for different spidroin-based biopolymers. Moreover, we present the first immunological analysis of synthetic spidroin-based biopolymers. Characterization of the binding behavior of the sera after immunisation by competitive ELISA suggested that the humoral immune response is mainly directed against the fusion partner ELP. In addition, cytocompatibility studies with murine embryonic fibroblasts indicated that recombinant spidroin-based biopolymers, in solution or as coated proteins, are well tolerated. The results show that spidroin-based biopolymers can induce humoral immune responses that are dependent on the fusion partner and the overall protein

structure. Furthermore, cytocompatibility assays gave no indication of spidroin-derived cytotoxicity, suggesting that recombinant produced biopolymers composed of spider silk-like repetitive elements are suitable for biomedical applications. Methods for the purification of non-ELPylated proteins in plants have been developed and applied and plant material for our cooperation partners to upscale the purification protocol has been produced. Flagelliform spider silk-like protein expressing plants with seed-specific promoters causing intein-based trans-splicing in tobacco seeds have been further characterised. We explored the benefits of seed-based expression to produce the high molecular weight spider silk protein FLAg using intein-based trans-splicing. Multimers larger than 460 kDa in size are routinely produced, which is above the native size of the FLAg protein. The storage of seeds for eight weeks and one year at an ambient temperature of 15°C does not influence the accumulation level. Even the extended storage time does not influence the typical pattern of multimerized bands. These results show that seeds are the method of choice for stable accumulation of products of complex transgenes and have

the capability for long-term storage at moderate conditions, an important feature for the development of suitable downstream processes. Transgenic pea seeds have been produced accumulating high molecular weight spider silk protein multimers.

The multimerization of antigens has been shown to enhance the immune response in terms of the production of potentially neutralizing antibodies. A series of constructs has been designed and transiently expressed in *N. benthamiana* that allow multimerization by either trimerization domains, tailpiece sequences (C-terminus of Fc), complete Fc, nanostructures, antiparallel interactions and combinations of different strategies. The extracts have all been tested by an haemagglutination assay and multimers showing higher degrees of haemagglutination induction have been selected and purified by immunoaffinity chromatography. The immunological characterisation by injection in mice and measurement of haemagglutination inhibition capacity is underway (in cooperation with JKI).

The degradation of proteins by the 26S proteasome after polyubiquitylation is one significant mode of intracellular degradation of proteins. The interaction with F-box proteins is a presumption for the transport of the proteins to the proteasome. Nanobody-F-box fusions have been used to specifically target selected proteins via the F-box-ASK interaction to the site of proteolysis. Transgenic tobacco lines accumulating GFP to different levels were transformed with constructs expression anti GFP nanobody – F-box fusion proteins. Several lines were selected showing a high amount of specific GFP mRNA but no GFP accumulation. Negative control plants (anti GFP nanobody-deleted F-box) do not show this effect.

highlights

Start of the Plant-fluvac project

Seed-specific expression of spider silk proteins in tobacco and pea

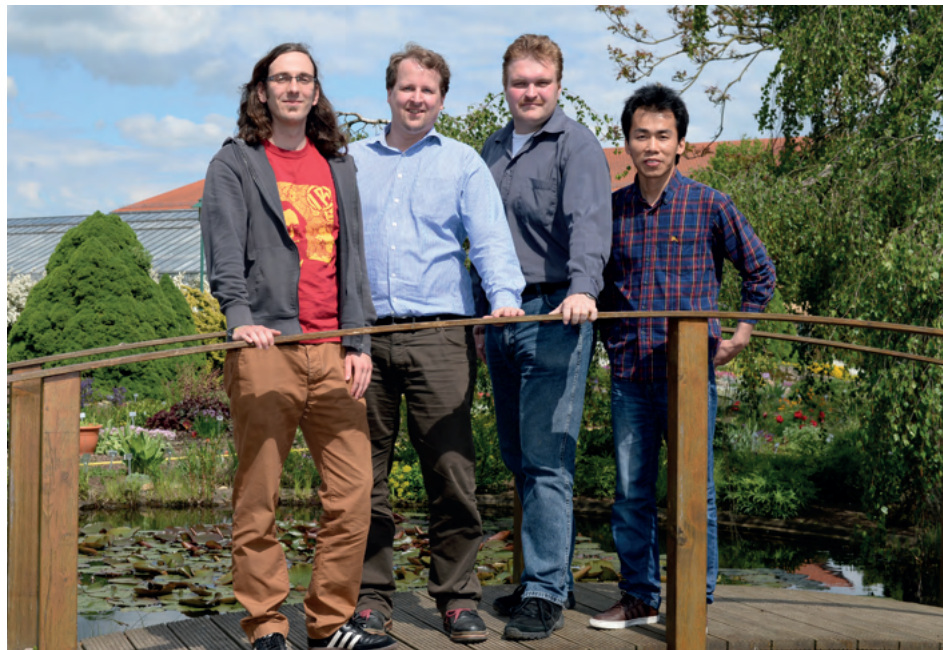
Directed proteolytic degradation of GFP by anti GFP nanobody-F-box fusions *in planta*

funding

FNR, BMBF

Research Group Image Analysis (BA)

Head: Prof. Dr. Thomas Altmann (temporary since 01-05-2015; formerly Dr. Cristian Klukas)



keywords

Big data
Computer vision
Image processing
Machine learning
Plant phenotyping
Visualisation

scientists

Dr. Christian Klukas
Dijun Chen
Matthias Klapperstück
Jean-Michel Pape
Michael Ulrich

Aims of the research group Image Analysis (BA) are the development, evaluation and establishment of methods and systems for the analysis of high-throughput phenotyping sensor (image) data. The integration of different kinds of sensor data, image processing and mining of the derived image feature data are main tasks.

One of the core activities was the final development of a next version of our comprehensive image analysis software IAP (*Integrated Analysis Platform*) for the processing of high throughput (HTP) plant image data. The software was published, including several analysis pipelines for processing HTP plant experiments, and several documentations (<http://iapg2p.sourceforge.net/>). IAP enables the handling of typically large-scale HTP datasets, supports the analysis of images of different plant species and is now used as the common processing software for the analysis of HTP experiments at the IPK. The research group analysed various experiments with collaborators within and outside of IPK.

Within the *German Plant Phenotyping Network* (DPPN), new approaches for the individual leaf segmentation of rosette plants were developed. The work was performed in context with the leaf segmentation challenges (LSCs) organised within the computer vision problems in plant phenotyping workshops in 2014 and 2015 (CVPPP; <http://www.plant-phenotyping.org/CVPPP2015>). The team of IPK achieved the best results in

the years 2014 and 2015. The unsupervised leaf detection approach from 2014's challenge is also included into the IAP software. The approach developed for the 2015's challenge is using newly developed methods for estimating leaf counts and performing the individual leaf segmentation based on machine learning methods utilising our multi-channel classification and clustering system MCCC (S; <http://mcccs.sourceforge.net/>, Fig. 29). The system is capable of processing multi-channel sensor data in different resolutions and can be used for segmentation and classification tasks. In collaboration with the research group pathogen stress genomics a new processing pipeline for the disease rating of powdery mildew infection on detached barley leaves was developed. This approach is based on the MCCC framework and is now in evaluation.

For the *European Plant Phenotyping Network* (EPPN) several pipelines for post-processing of the numeric results based on the image analysis are developed and included into a package, which is based on the statistical software R (<http://iapg2p.sourceforge.net/>

modeling/). The methods support the analysis and visualisation of the high-dimensional phenotypic data using functions like reproducible analysis, hierarchical clustering, growth modeling and more.

highlights

Top scores in leaf segmentation challenges
LSC 2014 and 2015

funding

BMBF, OPTIMAL, EU



Fig. 29 Leaf count and individual leaf segmentation for rosette plants (LSC 2015).

- (A) Input images for *Arabidopsis thaliana* and tobacco.
- (B) Leaf border detection based on a machine learning approach.
- (C) Leaf count example for *Arabidopsis* plant.
- (D) Result of the individual leaf segmentation.

Abteilung Physiology und Zellbiologie

Leiter: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

Department Physiology and Cell Biology

Head: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

Allgemeine Forschungsziele

Forschungsschwerpunkte in der Abteilung *Physiologie und Zellbiologie* (PZB) liegen in der Aufklärung der Regulation von Transport- und Stoffwechselvorgängen sowie Entwicklungsprozessen in Pflanzen und in mikrobiellen Expressionssystemen, mit dem vorrangigen Ziel, agronomisch relevante Merkmale in Nutzpflanzen oder biotechnologische Verfahrensweisen zu verbessern.



General Research Goals

Research in the department *Physiology and Cell Biology* (PZB) is directed towards the regulation of developmental, metabolic and transport processes in plants and microbial expression systems with the ultimate goal to improve agronomically relevant traits in crop plants or biotechnological applications.

Entwicklungen im Berichtszeitraum

In der Abteilung *Physiologie und Zellbiologie* (PZB) arbeiten drei Ags mit einem vorwiegend biochemisch-physiologischen Methodenspektrum zum *Sensing* und Metabolismus von Nährstoffen durch Pflanzen (Ag *Molekulare Pflanzenernährung*, MPE) und die DFG-geförderte Emmy-Noether-Gruppe *Metalloid-Transport*, MT) sowie zur Regulation des Sekundärstoffwechsels und zur physiologischen Bedeutung von Sekundärmetaboliten unter Stress (Ag *Angewandte Biochemie*, ABC). Biochemische Methoden werden auch von der Ag *Hefegenetik* (HEG) eingesetzt, die Hefen nutzt als Wirt für die Produktion rekombinanter Proteine, als Gendonor und Biokatalysator oder als mikrobielle Komponente für Biosensoren zur Analyse von Umweltparametern und Nahrungsmittelkomponenten. Methoden aus der Entwicklungsbiologie und Zellbiologie stehen hingegen bei zwei weiteren Ag unserer Abteilung im Vordergrund: Die Ag *Strukturelle Zellbiologie* (SZB) setzt vorwiegend licht- und elektronenmikroskopische Verfahren zur Strukturanalyse und der Visualisierung von Genprodukten in Pflanzengewebe ein, während sich die Ag *Pflanzliche Reproduktionsbiologie* (PRB) vornehmlich mit der Aufklärung von Entwicklungsprozessen befaßt, die mit der sexuellen und asexuellen Fortpflanzung assoziiert sind, um diese in die Entwicklung biotechnologischer Verfahren einzubringen.

In den letzten beiden Jahren wurden in der Abteilung Methoden neu oder weiter entwickelt, welche die Identifizierung und Quantifizierung genotypischer Unterschiede in morphologischen oder physiologischen Merkmalen auf dem Feld wach-

Developments in 2014/2015

In the *Physiology and Cell Biology* (PZB) department three research (RG) groups are working with biochemical and physiological methods either on the sensing and metabolism of nutrients by plants (*Molecular Plant Nutrition*, MPE) and the DFG-funded Emmy-Noether group *Metalloid Transport*, MT) or on the regulation of secondary metabolism and its role in stress tolerance (*Applied Biochemistry*, ABC). Biochemical methods are also applied in the RG *Yeast Genetics* (HEG), which employs yeast as host for the production of recombinant proteins, as gene donor and biocatalyst or as microbial component in biosensors for the analysis of environmental parameters and food components. Research aspects from developmental and structural biology dominate approaches in two further groups: The RG *Structural Cell Biology* (SZB) employs primarily light and electron microscopy for structural analysis and visualisation of proteins in plant tissues, while the RG *Reproductive Plant Biology* (PRB) aims at elucidating developmental processes associated with sexual and asexual reproduction for their implementation in biotechnological applications.

During the past two years our department has developed methods for the identification and quantification of genotypic differences in morphological and physiological traits of field-grown crop species. Using hyperspectral imaging the RGs MPE and ABC have established non-invasive technologies enabling the determination of nutrient concentrations in leaves or of secondary metabolites on leaves. After their successful application under controlled growth conditions, these approaches are

sender Nutzpflanzen erlauben. So wurden in den Ag MPE und ABC auf Hyperspektralmessungen beruhende, nicht-invasive Techniken etabliert, die eine Bestimmung von Nährstoffgehalten in Blättern oder der Konzentration bestimmter Sekundärmetabolite auf Blattflächen ermöglichen. Nach deren erfolgreicher Anwendung unter kontrollierten Wachstumsbedingungen erfolgt momentan deren Anpassung für die Phänotypisierung von Kulturpflanzenpopulationen auf dem Feld. In der Ag MT wurden Substrate und Anzuchtmethoden entwickelt, mit welchen unterschiedliche Pflanzen hinsichtlich ihrer Bor-Effizienz sowohl *in vivo*, im Gewächshaus als auch in automatisierten Phänotypisierungsanlagen charakterisiert und kontrastierende Genotypen identifiziert werden können. Die erfolgreiche Identifizierung von drei Bormangel-toleranten Rapsgenotypen aus der Genbank ist bereits ein Resultat dieser Entwicklung. Des Weiteren wurde von der Ag ein *Multimixer Stopped-Flow System* installiert, mit welchem im Millisekunden-Bereich Kinetiken von Nährstofftransportprozessen durch Biomembranen untersucht und beschrieben werden können.

Der derzeitige Schwerpunkt in der Ag PRB liegt in der methodischen Weiterentwicklung des Genom-Engineerings als neue biotechnologische Verfahrensweise zur Zielsequenz-spezifischen Veränderung zellulärer DNA. Neben der Herstellung und Verwendung von *Transcription Activator-Like Effector* Nukleasen (TALENs) wird dabei als Werkzeug zunehmend auf *RNA-vermittelte Cas9-Endonukleasen* gesetzt, die einfacher auf beliebige Zielsequenzen ausgerichtet werden können und sich als verlässlicher erwiesen haben. Diese Technologie wurde anhand von Tabak und Gerste etabliert und dabei belegt, dass die erzielten genetischen Veränderungen effizient vererbt werden.

In der Ag SZB wurden histologische Merkmale der Gewebestabilität in lager-resistenten Roggengenotypen identifiziert und erstmals in Feldversuchen zur Charakterisierung einer Roggenpopulation eingesetzt. Diese Daten laufen derzeit in eine QTL-Analyse um Genomabschnitte und genetische Marker zu identifizieren, die zu einer erhöhten Halmstabilität führen und damit die Lagerneigung von Getreide verringern.

In einem systembiologischen Ansatz der Ag HEG wurden in der Hefe *Arxula adeninivorans* insbesondere die Synthese- und Abbaupfade von n-Butanol charakterisiert und modifiziert. Über die Identifizierung aller am Butanolstoffwechsel beteiligter Enzyme, das Einschleusen neuer, effizienterer Enzyme und die Optimierung der Kulturbedingungen gelang es, die Ausbeute von n-Butanol erheblich zu steigern. In enger Kooperation mit Partnern aus der Industrie werden derzeit verschiedene biotechnologische Verfahrensweisen erprobt, um die Synthese dieses wichtigen Energieträgers zu optimieren.

now being adapted to high-throughput phenotyping in the field. In the RG MT substrates and growth conditions have been established, by which genotypes were examined and selected for their boron efficiency in the greenhouse or in automated phenotyping facilities. One result of this approach was the successful identification of three boron deficiency-tolerant genotypes from the IPK Gene Bank. Moreover, a multimixer stopped-flow system has been installed, by which kinetics of nutrient transport rates can be quantified even in the milli-second range.

Current research in the group PRB is focussing on methodological developments in genome engineering as novel biotechnological tool for target sequence-specific modifications of cellular DNA. Besides generation and application of *Transcription Activator-Like Effector Nucleases* (TALENs) there is increasing interest in further developing *RNA-guided Cas9 endonucleases*, which can address their target sequences in a more simple and reliable manner. Establishing this technology in tobacco and barley already showed that the obtained genetic modifications were inherited efficiently.

In the RG SZB histological traits of tissue stability in lodging-resistant rye genotypes have been identified and were then applied to characterise a field-grown rye population. These data are currently fed into QTL analysis to identify genomic loci or genetic markers, which indicate superior stem stability and less susceptibility to lodging.

In a systems biology approach the RG HEG has characterised and modified synthesis and degradation pathways of n-butanol in the yeast *Arxula adeninivorans*. Via the identification of all enzymes involved in n-butanol metabolism, the introduction of new, more efficient enzymes and the optimisation of growth conditions n-butanol recovery have been increased considerably. In cooperation with partners from industry different biotechnological applications are currently assessed for the optimization potential regarding the synthesis of this important energy carrier.

Research Group Molecular Plant Nutrition (MPE)

Head: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén



keywords

Adventitious root formation
Nutrient acquisition and transport
Nutrient efficiency traits
Nutrient sensing
Root system architecture
Stress tolerance

scientists

Alejandro Aguirre-Araya
Dr. Takao Araya
Dr. Fengying Duan
Dr. Kai Eggert
Dr. Seckin Eroglu
Dr. Ricardo Giehl
Diana Gierth
Dr. Benjamin Gruber
Dr. Mohammad Hajirezaei
Dr. Anja Hartmann
Alexander Hilo
Dr. Seyed Hosseini
Zhongtao Jia
Alexandra Lesková
Dr. Ying Liu
Zhaojun Liu
Markus Meier
Dr. Ralf Sammler
Dr. Nicole Schmid
Dr. Fahime Shahinnia
Suresh Tula
Dr. Fanghua Ye

The overall goal of the group is to uncover physiological processes and molecular mechanisms that allow improving nutrient uptake and utilisation in plants. In the model plant *Arabidopsis* we investigate nutrient sensing in plants by determining root architectural traits under changing nutrient supplies and identify genes underlying these morphological adaptations. Moreover, we explore how plant roots mobilize nutrients in the soil and avoid heavy metal toxicities. In crops, research focusses on improving root traits and fertilizer regimes for more efficient uptake and utilisation of nutrients.

Nutrient sensing. Changes in the plant nutritional status and external nutrient supply modulate *Root System Architecture* (RSA) over time and determine the degree of root plasticity which is based on variations in the number, extension, placement, and growth direction of individual components of the root system. Thereby, plants adapt their RSA to the availability of mineral nutrients in a nutrient-specific manner. In most cases, such morphological responses are the result of nutrient sensing processes, which rely on internal signalling processes. In the case of nitrogen (N) deficiency, we discovered that *Arabidopsis* roots produce CLE (CLAVATA/ESR-related)-type signalling peptides, which are perceived by the CLAVATA1-receptor and lead to a repression of lateral root emergence. Thereby, this regulatory module prevents further investment of N into those roots which have no access to external N (Araya et al. 2014, 2015). Apart from this systemic nutrient signalling, roots also sense the local availability of nutrients, which allows plants to enhance

lateral root formation and explore those soil patches that contain nutrients (Fig. 30). Such root foraging responses result from the integration of systemic and local signals into the root developmental programme at specific steps (Giehl et al. 2014; Giehl & von Wirén 2014). Currently, a transcriptome approach is conducted that analyses nutrient-responsive genes involved in root development to identify *regulatory hubs*, where nutrient-related signals enter the root developmental program.

Nutrient remobilisation during plant senescence. In our role as coordinator of a DFG research unit FOR948 on N-remobilization in senescing plants, we focussed on the role of the urea transporter DUR3 in senescing leaves of *Arabidopsis* and found that the upregulation of DUR3 during senescence serves for urea retrieval from the leaf apoplast and increases the phloem loading with N (Bohner et al. 2015). Urea could be confirmed as a leaf age- and plant age-dependent metabolic marker also in crops like oilseed

rape. Current investigations focus on the establishment of a sensor-based approach for field-grown crops to select for genotypes with more efficient N-remobilisation before harvest.

Iron efficiency strongly relies on the genetically determined ability of plants to increase Fe acquisition in the rhizosphere either by Fe(III) reduction and Fe²⁺ uptake, as in strategy I-plants, or by the release of phyto-siderophores and subsequent Fe(III)-phyto-siderophore uptake, as in strategy II-plants. To identify genes controlling Fe acquisition in *Arabidopsis*, a collection of 3500 T-DNA insertion lines was screened on calcareous substrate for phenotypes that show less or more severe Fe deficiency-induced chlorosis than wild type plants. This approach led to the identification of F6'H1, a gene encoding a Fe dependent dioxygenase involved in the phenylpropanoid pathway. Downstream products of F6'H1 are catechol-type coumarins which are able to efficiently chelate Fe(III) at high pH and are released by roots to enhance the solubility and mobilization of Fe in the rhizosphere (Schmid et al. 2014). In parallel, we identified MTP8, a Mn-transporter that unexpectedly is linked to the Fe deficiency response in *Arabidopsis*. MTP8 is induced under Fe deficiency and required to load excess Mn into the vacuole of root cells. Otherwise, excess cytosolic Mn inhibits Fe(III)reduction at the plasma membrane and causes Fe deficiency (Eroglu et al. 2015).

Adventitious root (AR) formation in the stem base of cuttings is the basis for propagation of many plant species and *Petunia* is used as model to study this developmental process. Following AR formation over 192 hours post-excision of cuttings, transcriptome analysis by microarray allowed monitoring regulatory processes leading to root identity. The greatest shift in the number of differentially expressed genes was observed between 24 and 72 hours, when genes involved in carbohydrate storage, anti-oxidative as well as secondary metabolism and mineral nutrient acquisition were upregulated. Key genes involved in primary carbohydrate metabolism such as those mediating apoplastic sucrose unloading were induced at the early sink establishment phase of AR formation (Drüge et al. 2014). Symplastic sucrose unloading and nucleotide biosynthesis were the major processes induced during the later recovery and maintenance phases (Ahkami et al. 2014). Together with pharmacological approaches, these analyses further indicated a reduction in auxin sensitivity and phase-specific responses of auxin- and ethylene-regulated genes (Drüge et al. 2014).

highlights

Identification of nutrient signals that shape root system architecture (Giehl et al. 2014, Giehl & von Wirén 2015; Araya et al. 2014, 2015)

Defining the role of urea in N-retranslocation during senescence (Bohner et al. 2015)

Identification of a Mn-transporter essential for chlorosis-free growth of plants under Fe deficiency (Eroglu et al. 2016)

Identification of novel catechol-type coumarins as iron chelators released by roots under Fe deficiency (Schmid et al. 2014)

funding

DFG, BMBF, BMEL, ERA-CAPS, WGL, IZN, CSC, Industry (SKW Piesteritz)

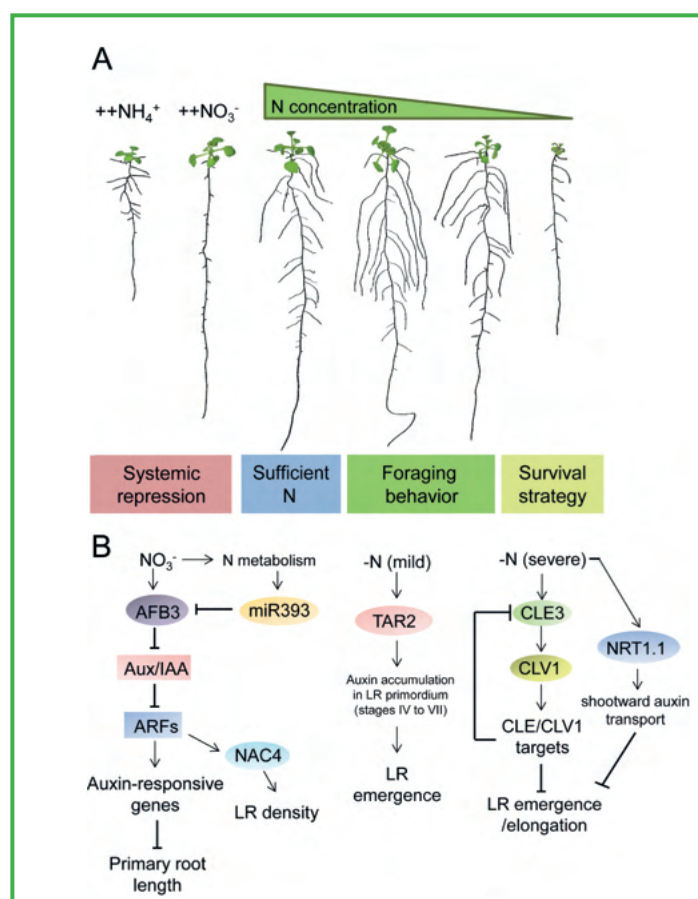


Fig. 30 Influence of nitrogen (N) on root system architecture.

(A) The root system architecture is distinctively altered by the excess of the N forms ammonium (NH₄⁺) or nitrate (NO₃⁻) or the decreased supply of N to plants. These distinct responses likely reflect different strategies of the plants to cope with variable N availability.

(B) Signalling pathways currently known to be involved in altering particular components of a plant's root system architecture in response to the supply of nitrate or to mild or severe N deficiency (Giehl & von Wirén 2014).

Research Group **Applied Biochemistry (ABC)**

Head: PD Dr. Hans-Peter Mock



keywords

Abiotic stress
Anthocyanins
Coumarins
Phenylpropanoids
Secondary metabolites

The interest of the research group ABC is the biosynthesis and regulation of secondary metabolism, in particular of phenylpropanoids. Main aspects are their protective functions against stresses *in planta*, but also to their potential health effects as a part of the human diet. Major goals are to gain insights into regulatory programs and mechanism of resource allocation into different branches of secondary metabolism and to unravel tissue specific metabolite functions. Integrative approaches combining proteomics, metabolomics and transcriptome analysis are applied to study the integration of secondary metabolism into cellular defence mechanisms.

scientists

Nadja Arens
Dr. Uwe Bertsch
Dominic Brauch
Stefanie Döll
Dr. Martin Giersberg
Anna Maria Jozefowicz
Teresa Perez-Pinar Lopez
Dr. Andrea Matros
Dr. Antonius Petridis
Dr. Manuela Peukert
Johannes Schütze

The potential beneficial health effects of anthocyanins were followed in the EU project ATHENA and within a project funded by the *WissenschaftsCampus Halle* (WCH). Within ATHENA the RG ABC focused on the phytochemical characterisation of plant materials and model foods. Plant tissues were profiled for flavonoids and related phenylpropanoids with potentially beneficial health effects by using HPLC-UV-MS. Plant materials studied comprised transgenic tomato fruits with ectopic expression of transcription factors regulating anthocyanin biosynthesis, maize, blood orange accessions and grape cell cultures. A major effort was to establish and scale-up preparative isolation of anthocyanins from different sources (collaboration with ATHENA partners). The potential use of purple barley and wheat lines for a healthy diet was studied within a WCH funded project (cooperation with RG RGR): Consumer acceptance studies were performed in parallel by colleagues at the IAMO institute in Halle.

The novel EU project ANTHOPLUS aims to isolate specific anthocyanins alone or in defined combinations. Transgenic cell cultures with accumulation of anthocyanins by expression of regulatory factors are a major novel source. The accumulation of specific anthocyanins is achieved by additional expression of enzymes involved in the side chain decorations.

The functional characterisation of regulatory factors of coumarin biosynthesis was continued. Knock-out mutants and wild type plants were grown under conditions favouring coumarin accumulation; in particular cold stress regulation was analysed. One of the factors was shown to be a component of the RNA silencing machinery. Stress experiments and subcellular localization of metabolites were performed to further characterise individual candidate genes. Two transcription factors were shown to be involved in regulation of anthocyan accumulation. Involvement of cou-

marins in iron metabolism is studied in collaboration with the group MPE.

A major area of research has been the study of changes in proteome and metabolite patterns during barley grain maturation with an emphasis on processes involved in endosperm development and filling. MALDI-MS imaging approaches have been established to monitor the spatial and temporal patterns of metabolites during grain development. Metabolic profiling analysis of flag leaves has been performed in the context of the HYWHEAT consortium (collaboration with the QG group).

The project on salt stress responses in barley mapping populations with contrasting tolerances has been continued with the functional characterisation of candidate proteins identified by earlier proteome approaches collaboration with the RGR and all groups of the dpt. PZB). Field experiments with parental lines are performed in collaboration with a Tunisian partner lab (BASALT project).

Drought stress and nutrient limitation of selected potato cultivars are studied by proteomic approaches with a focus on the plasma membrane as well as by the analysis of the phosphoproteome. Several novel candidates associated with a higher tolerance towards nitrogen limitation have been identified and are currently characterised in more detail.

The phenylpropanoid metabolism has been investigated in barley populations grown either in the field or under different conditions in growth cabinets (D. Brauch, collaboration with MLU, Halle). Major aims are to correlate metabolic patterns with hyperspectral data of field grown plants and to identify novel regulatory genes of phenylpropanoid metabolism in barley. Hyperspectral imaging in combination with metabolite analysis was also performed for sugarbeet genotypes (collaboration with IFF Magdeburg and Co. Strube). Specific metabolites associated with a higher pathogen tolerance were identified (Fig. 31).

highlights

EU Project ANTHOPLUS
(Coordinated by A. Matros)

Peukert et al.: Spatiotemporal Dynamics of Oligofructan Metabolism and Suggested Functions in Developing Cereal Grains

IPK, Department of Physiology and Cell Biology; Prof. Dr. N. von Wieren; Prof. Dr. G. Kunze

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

IPK, Dept. of Breeding Research; Prof. Dr. J. Reif; Dr. U. Scholz

IPK, Dept. Genebank; PD Dr. A. Börner

Fraunhofer-Institute IFF Magdeburg, Biosystems Engineering, Magdeburg; Prof. Dr. U. Seiffert

John Innes Centre, Norwich, U.K.; Dr. C. Martin;

Julius-Kühn-Institut (JKI); Institute for Resistance Research and Stress Tolerance; Dr. A. Schum

KU Leuven, Institute of Botany and Microbiology, Prof. Dr. Wim van den Ende

Plant Research International, Wageningen, Niederlande; Dr. R. Hall, Dr. J. Beekwilder

University of Kiel, Botanical Institute, Prof. Dr. K. Krupinska

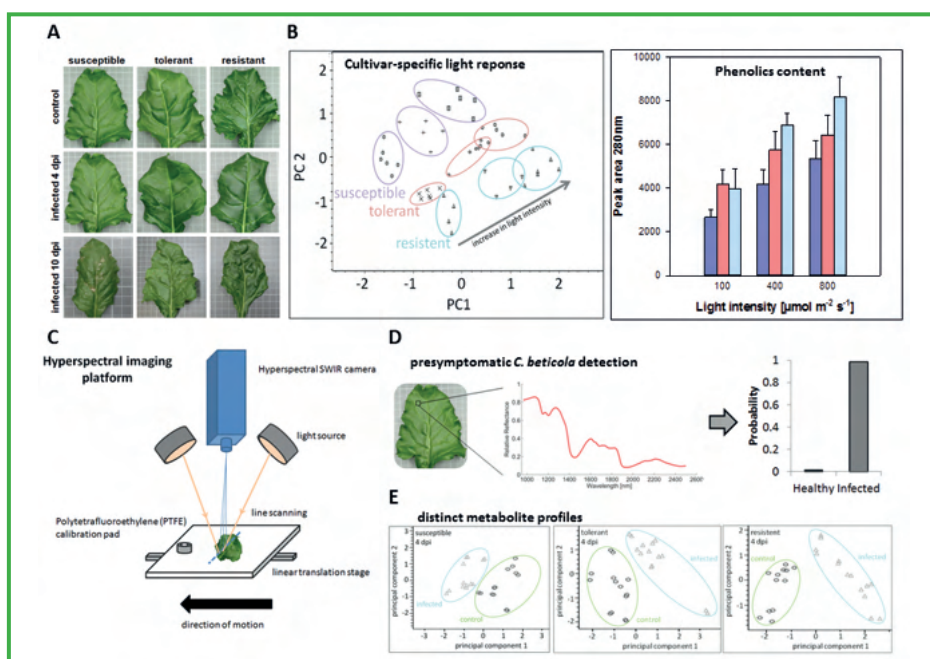
University of Halle (MLU), Professor Klaus Pillen

funding

EU, WissenschaftsCampus Halle, BMBF, DFG

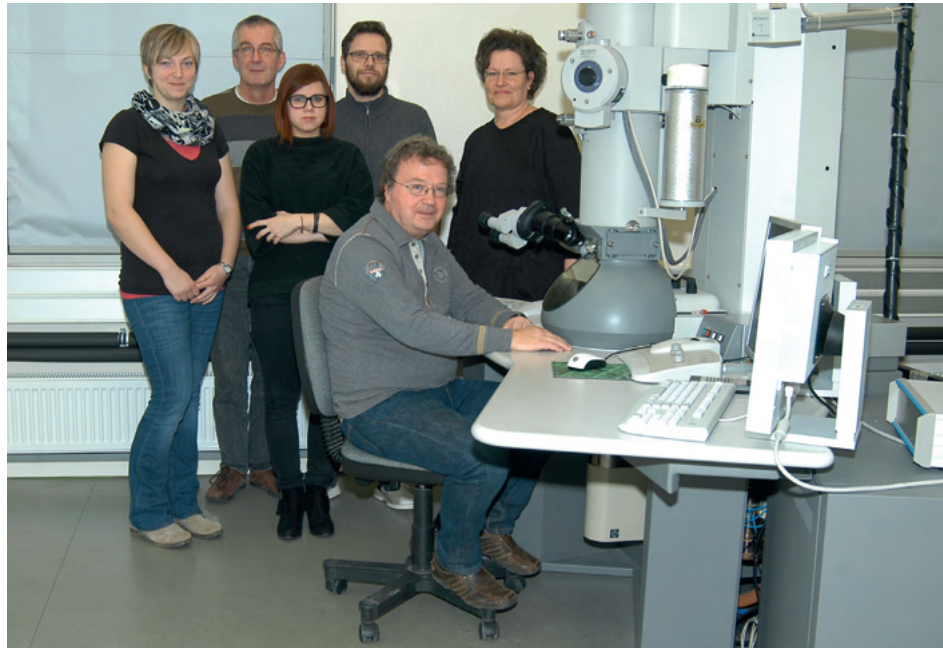
Fig. 31 Studies of the *Cercospora beticola* – sugar beet pathosystem

(A) Sugar beet cultivars with host genetic variation for the degree of susceptibility at four and ten days post inoculation (dpi).
(B) The metabolite profiles of sugar beet leaves responding to modified light conditions are cultivar specific. The phenolics content is significantly higher in tolerant and resistant cultivar at high light intensity.
(C) Scheme of the hyperspectral imaging platform. Leaves were placed onto a low reflective base and moved below the light source while the camera is scanning the leaf line by line.
(D) *C. beticola* infection could be detected at presymptomatic stage with high accuracy using the hyperspectral signature.
(E) All cultivars show distinct metabolite profiles at 4dpi. Biomarkers for incompatible plant-pathogen interaction were identified.



Research Group Structural Cell Biology (SZB)

Head: Dr. Michael Melzer



keywords

Cell biology
Confocal microscopy
Electron microscopy
Histology
Light microscopy
Ultrastructure

scientists

Dr. Marek Marzec
Aleksandra Muszyńska
Pooja Pandey
Dr. Twan Rutten

As a core facility for light and electron microscopy the research group (RG) SZB performs histological and ultrastructural analysis of metabolic and developmental processes in plants. Among structural examinations and 3-D reconstructions the main focus is on the spatial distribution of plant enzymes and molecules as analysed by immunogold electron or fluorescence microscopy. The studies fall within the frame of crop improvement and introduction of biotechnological procedures and comprise both, own research projects as well as internal and external co-operations.

In a common BMBF project with the IPK RG GGR and GKG we investigated the molecular genetic and histological characterisation of lodging resistance in rye. The morphological characterisation of the spontaneous mutant *Stabilstroh* carried out with *Light* (LM), *Scanning* (SEM) and *Transmission Electron Microscopy* (TEM) showed that mechanical stability of tillers was related to diameter of basal internodes, number of outer vascular bundles, epidermal invaginations, sclerenchyma ratio, thickness of sclerenchymal and inner periclinal cell walls of epidermis. Moreover, *Inductively Coupled Plasma Optical Emission Spectrometry* (ICP-OES) studies confirmed the role of silicon and boron in a complex trait of lodging resistance. With the help of these phenotypic traits the genetic background of the lodging resistance was determined. DArTseq markers were chosen in further analyses of genotypes. A genetic map was constructed based on 320 SNPs, which were subsequently used for association mapping for the analysed traits allowing to

find QTL associated with: plant height (on 1R and 7R), basal internode diameter (3R), ratio of thickness sclerenchymal tissue to diameter of internode (4R), thickness of sclerenchymal cell walls (1R), and copper content (7R).

In the DAAD/Siemens funded project about chromatin modification during the initiation of pollen embryogenesis in barley, the effect of the deacetylase inhibitor Trichostatin A (TSA) on induction efficiency marked the preliminary conclusion of our work on pollen embryogenesis. After confirming that TSA is indeed capable of reversing cell identity, we could show that limited exposure to TSA markedly enhances and synchronizes the conversion of gametophytic pollen into embryogenic pollen. Epigenetic profiling of pollen was essential to establish the correct time frame for TSA exposure to optimize induction of pollen embryogenesis. The work has been carried out in close collaboration with the RGs PRB and CSF.

Studies on root hair (RH) development in barley, carried out in cooperation with the Dept. of Genetics, Katowice/Poland, elucidate the role of arabinogalactan proteins (AGPs) in this process. Inactivation of the extracellular matrix AGPs of rhizodermal cells, using the *Yariv* reagent, results in a root hairless phenotype, thus stressing the importance of AGPs in RH specialization. Detailed analysis revealed that one specific AGP epitope, LM2, was present in the extracellular matrix of all genotypes that developed RHs and this distribution was always limited to the bulge and RH tube. The LM2 epitopes were absent from root hairless mutant. Transmission electron microscope analysis of WT roots revealed the diverse cellular localization of the AGP epitopes LM2, LM14, MAC207 in trichoblasts and atrichoblasts, with the highest concentration in trichoblasts. In contrast, in the root hairless mutant all rhizodermal cells showed the same pattern of AGP epitope distribution.

In collaboration with N. Tikhenko we are investigating the genetic background and the morphological characteristics of embryo lethality in crosses between common wheat and the L2 line of rye. The wheat x rye L2 hybrid embryo lacks a shoot apical meristem (SAM). This abnormality, named *Embryo Lethality* (Eml), is the result of an interaction of two incompatible alleles: dominant rye Eml-R1b and wheat Eml-A1. Embryo rescue cannot overcome embryo lethality but enables the production of wheat x rye L2 hybrid plants through organogenesis, as well as primary and secondary somatic embryogenesis as proven by histological analysis of germinating embryoids (Fig. 32).

highlights

Daghma et al. Front. Plant Sci. (2014) 5:675.

Marzec et al. Exp Bot (2015) 66(5):1245-57.

Aquisition *Confocal Laser Scanning Microscope* Zeiss LSM 780

Aquisition digital microscope *Keyence VHX-5000*

funding

DFG, BMBF, DAAD, Industry (Siemens)

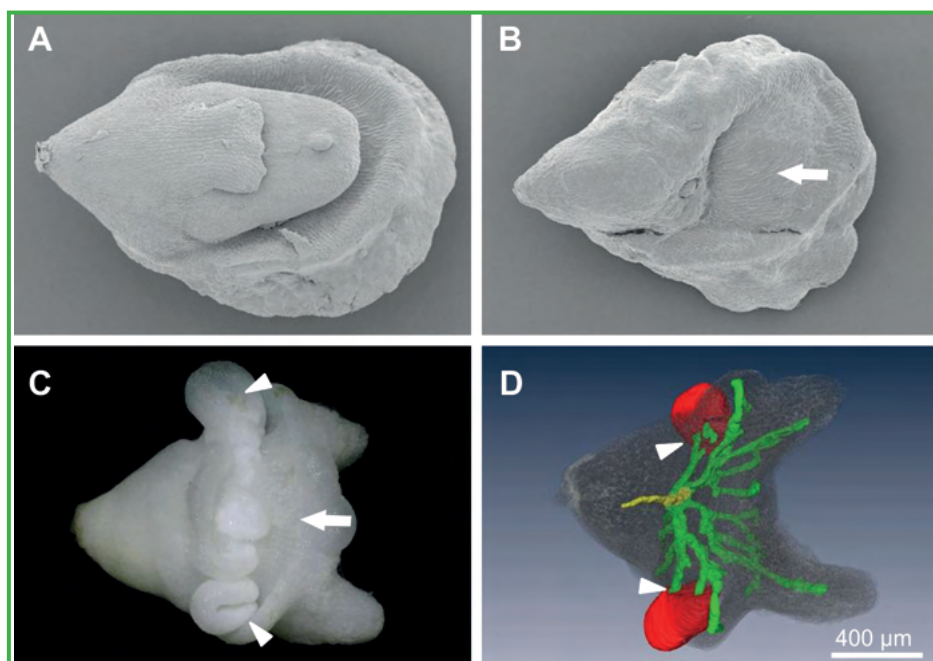


Fig. 32 Wheat x rye embryos.

(A) 14 days after pollination embryo isolated from compatible (CS x L6) and (B) incompatible (CS x L2) crosses; note the absence of a coleoptiles (arrow) in embryos of the CS x L2 cross.

(C) Wheat x rye L2 embryo lacking shoot apical meristem (arrow) on rescue medium shows meristematic activity (arrowheads).

(D) 3D reconstruction based on serial sections revealed direct contacts between the central vascular system (green) and the meristematic regions (red) identifying these as sites of organogenesis (Twan Rutten).

Research Group Plant Reproductive Biology (PRB)

Head: Dr. Jochen Kumlehn



keywords

Customizable endonucleases
Domestication
Genetic transformation
Genome engineering
Haploid technology

The research group (RG) PRB focuses the establishment of enabling technologies such as genetic transformation, genome engineering, dissection and manipulation of live cells as well as the generation of genetically fixed plants from haploid cells. By providing such methods, we facilitate applied research as well as approaches to the improvement of crop plant performance. Particular emphasis is laid upon biological mechanisms associated with crop plant domestication, sexual and asexual plant reproduction as well as plant-pathogen interaction.

scientists

Sara Audije
Dr. Federica Bini
Dr. Nagaweni Budhagatapalli
Friederike Göhring
Dr. Likyelesh Gugsu
Dr. Maia Gurushidze
Dr. Götz Hensel
Stefan Hiekel
Dr. Jochen Kumlehn
Krishna Mohan Pathi
Anne-Kathrin Pfrieme
Sindy Schedel
Katarzyna Szepietowska
Hannes Trautwein

Genome engineering is a breakthrough technology that facilitates site-directed modifications of genomic DNA *in planta*. It offers versatile novel possibilities for research and crop improvement (Hiekel et al. 2015). We established the use of *RNA-Guided Endonucleases* (RGENs) that derive from the bacterial CRISPR/CAS immune system. Using this platform in tobacco, site-directed mutations were detected in 80% of primary RGEN transgenic plants, and the majority of mutations proved sexually transmissible. Mutant dissolution and genetic fixation was achieved with high efficiency by generating doubled haploids from the expectedly chimeric and heterozygous primary mutants.

We also demonstrated homology-directed genome editing using *gfp*-specific *Transcription Activator-like Effector Nucleases* (TALENs) along with a customized DNA-repair template. This setup enables us to precisely predefine not only the genomic target site, but also the resultant DNA sequence. A *Green*

Fluorescence Protein (GFP) gene stably integrated in an experimental barley line was converted into a *Yellow Fluorescence Protein* gene (YFP), which differs from GFP only in a single encoded amino acid. YFP protein was detected in about 3% of the mutated cells, indicating that precise genome modifications can be achieved with high efficiency at the cellular level (Budhagatapalli et al. 2015).

To allow for optimisation of endonuclease architecture, customization and vector design as well as construct prevalidation before investing in the creation of stable transgenic plants, a transient expression test was developed which readily indicates the cleavage activity of customized endonucleases. To this end, a modular expression construct was generated which harbours an exchangeable endonuclease target sequence translationally inserted upstream of the 5'-end of an out-of-frame YFP sequence. Consequently, YFP functionality can be restored by loss or gain of nucleotides within the target. The frequen-

cy of cells producing YFP protein reflects the cleavage activity of the tested endonuclease. This novel tool is independent of the endonuclease platform and applicable in dicot and monocot plant species.

The generation of doubled haploids belongs to the most powerful means to accelerate the plant breeding process. Uniparental genome elimination during early zygotic embryogenesis is one of the principles by which haploid plants can be generated. Together with further IPK groups and colleagues from the KWS Saat AG in Einbeck, we analysed a chemically induced point mutation in barley CENH3 and showed that a genocopy of this mutation in *Arabidopsis* can result in haploid plant formation (Karimi et al. 2015). This principle holds great promise for application in a wide range of crop species.

Barley is an attractive vehicle for producing recombinant protein in its grain. We developed a barley expression system based upon the oat *Globulin1* promoter. Its use to drive expression of the model gene GFP resulted in as much as 1.2 g recombinant protein accumulated per kg grain. Together with further IPK groups and colleagues in Vienna, Düsseldorf and Aachen we then exploited this expression system to develop plants which synthesize the anti-HIV-1 monoclonal antibody 2G12. The functionality of barley-produced 2G12 was on a par with that

of antibody conventionally synthesized in Chinese hamster ovary cells (Hensel et al. 2015).

Grain crops were essential for humans to transition from hunter-gathering to agrarian societies. The most important step during cereal domestication was the occurrence and selection of plants that retained mature grains on their inflorescence and thus allowed effective harvesting. Classical genetic studies had established that the non-brittle rachis is associated with a genotype of either *btr1BTR2* (*btr1*-type) or *BTR1btr2* (*btr2*-type), suggesting that spontaneously occurring loss-of-function mutations in either of these two closely linked genomic loci were sufficient to prevent the formation of constriction grooves at the rachis nodes which itself proved essential for the free dispersal of mature grains in wild barley. Together with researchers in Tsukuba/Japan and further IPK colleagues, the verification of two candidate genes was achieved through transgenic complementation. Both approaches independently resulted in the brittle rachis character (Fig. 33). The confirmed *BTR1* and *BTR2* genes share no significant similarity, suggesting that their products act complementarily. We further concluded that the non-brittle rachis type independently evolved more than once during barley domestication (Pourkheirandish et al. 2015).

highlight

Elucidation of the barley major domestication trait *non-brittle rachis*, published 2015 in CELL

Haploid formation in plants achieved by a point mutation in *CenH3*, published 2015 in PNAS and patent filed

Elucidation of a novel susceptibility factor to plant viruses, published 2014 in PNAS

Efficient site-directed mutagenesis in tobacco and barley using customized endonucleases, published 2014 in PLOS ONE

Homology-directed precise genome editing in barley, published 2015 in G3: Genes|Genomes|Genetics

Production of efficient HIV-specific antibody in barley grains, published 2015 in PLOS ONE

funding

DFG, EU, BMBF, BMEL, Industry



Fig. 33 Experimental restitution of wild barley's brittleness via transgenic complementation of the mutant *btr1* gene in barley cultivar *Golden Promise* (left) by functional *BTR1* (right).

Research Group Yeast Genetics (HEG)

Head: Prof. Dr. Gotthard Kunze



keywords

Arbuscular mycorrhizal fungi
Arxula adeninivorans
Biofuels
Biosensors
Recombinant proteins

The activities of the RG HEG are focused on non-pathogenic yeast species like *Arxula adeninivorans*. They are applied in the recombinant protein production for the chemical industry, for the degradation of plastics and pharmaceuticals or to disintegrate lignocellulose containing materials. They can also serve as gene-donor, biocatalyst for biofuels or the bioaccumulation of noble metals and rare earth elements. As component in biosensors they are used for the monitoring of waste water, feed and food and for medical research. In addition, arbuscular mycorrhizal fungi are used to analyse fungus – plant root interactions.

scientists

Mateusz Biernacki
Felix Bischoff
Dr. Alexandre Chamas
Dr. Kristina Florschütz
Dr. Martin Giersberg
Dr. Urs Hähnel
Jakub Kasprzak
Katarzyna Litwinska
Anna Karolina Malak
Daniela Melanie Nietz
Dr. Thi Minh Ha Pham
Dr. Sebastian Worch

A. adeninivorans is a versatile non-pathogenic organism for basic and applied research. It is a very useful tool in biotechnological applications due to its remarkable characteristics. It utilises a broad range of sole carbon and nitrogen sources, exhibits a temperature-dependent dimorphism, is extremely thermo-, osmo- and salt tolerant and shows excellent growth and secretion characteristics. The genome of *Arxula* is completely sequenced and annotated enabling us to explore and exploit new metabolic pathways. Hence, *A. adeninivorans* is used not only as a biocatalyst for biofuels but also for the synthesis of certain metabolites and recombinant proteins for industrial applications because all essential prerequisites and components for heterologous gene expression are available (transformation/expression platform Xplor®2, gene disruption, protoplast fusion, mitotic segregation). Also, the fermentation conditions were greatly improved by the acquisition of a BIOSTAT® B benchtop bioreactor.

The production portfolio comprises e. g. *A. adeninivorans* tannic acid degrading enzymes, which have been isolated, over expressed and/or mutated by gene disruption in a transgenic approach to construct a yeast converting waste metabolites into higher-value commodity chemicals like cis, cis mucoic acid. Furthermore, the yeast serves as a suitable biocatalyst for the synthesis of biotechnologically relevant products like 1-butanol, 2,3-butanediol, 3-hydroxybutyrate and poly-(hydroxybutyrate - hydroxyvalerate) copolymers. There are strains available that synthesize recombinant alcohol dehydrogenases to produce enantiomerically pure alcohols. Recombinant lipases are applied for the enzymatic synthesis of mono esters from symmetric dicarbonic acids or symmetric diols as spacer groups for medical chemistry and polymer applications. Other strains produce recombinant cutinases, laccases and cytochrome P450 for the biotechnological recycling of electronic scrap or the enzymatic removal of

harmful substances like pharmaceuticals in waste water. There are also strains available to improve feed quality of organic materials by enzymes with lignocellulolytic activities as well as for beneficiation and recovery of metals and rare earth elements.

Yeasts are also used as biocomponent for the detection of hormone activities (Fig. 34), dioxins, pharmaceuticals or bisphenol A in tap water, mineral water and waste water. The developed biosensors are based on transgenic *A. adeninivorans* cells producing recombinant human receptors (hER α , hAR, hPR, hGR, hAHR/hARNT, hPXR/hRXR, hCAR/hRXR, mutated hER α and are dedicated to the respective detection of estrogens, androgens, progestogens, glucocorticoids, dioxins, gestagenic and bisphenol A. Depending on the used reporter gene, hormone detection can be performed by enzymatically-mediated biochemical reaction, amperometry or fluorescence measurement. First assays (A-YES[®]_aqua, A-YAS[®]_aqua, A-YES[®]_aqua_salutaris, A-YPS[®]_aqua) adapted from these *A. adeninivorans*-based biosensors are already commercialized and under investigation in DIN (NA 119-01-03-05-09) /ISO (ISO/TC 147/SC 5/WG 9) to set up an international standard for the measurement of xenohormones. In parallel, a yeast cell based *Multibiography* Assay (MBA) combines the already described biosensors with *Thin Layer*

Chromatography (TLC) for identification and quantification of hormone active substances in complex samples. Additionally, receptor/hormone binding interaction could be precisely studied by using the surface plasmon resonance platform.

Beside yeasts, *Arbuscular Mycorrhizal Fungi* (AMF) are in focus of the RG. They are able to establish a symbiotic relationship with 70-90% of land plant species and obviously, this interaction has a major impact on the entire soil ecosystem. They improve the uptake of phosphorus and nitrogen by the plants, improve salt and drought tolerance and are essential to protect plants from root pathogens. Since environmental conditions influence the composition of the AMF population, a set of autochthone AMF were selected from different places in Germany and subsequently taxonomically classified. This compilation was the basis to establish *in vivo* and *in vitro*-AMF lines as cadre of a strain collection. The lines were successfully applied to improve the quality of potatoes, which are cultivated on soil with low land value. Biosensors based on DNA-DNA/RNA hybridisation, as well as binding protein-ligand interaction were developed and adapted for taxonomic analysis of AMF, identification and classification of mycorrhiza residing on plant roots.

highlights

Sequencing and annotation of the complete *Arxula adeninivorans* genome, published 2014: Kunze, G., C. Gaillardin, et al.: The complete genome of *Blastobotrys (Arxula) adeninivorans* LS3 - a yeast of biotechnological interest. In: *Biotechnology for Biofuels* 7:66.

Arxula adeninivorans as producer of 3-hydroxybutyrate (3-HB) and polyhydroxybutyrate.

Commercialisation of *Arxula* based bioassays for detection of estrogenic, androgenic, gestagenic and glucocorticoid activities in waste and tap water.

First use of the ESTRA monitor with transgenic *A. adeninivorans* cells as bio-component for monitoring of estrogenic activities on the plant sewage *Duisburg-Drei Linden*

Application of *Arxula* as biocatalyst for synthesis of enantiomerically pure alcohols.

funding

EU, BMBF, BMWi, DBU, Industry

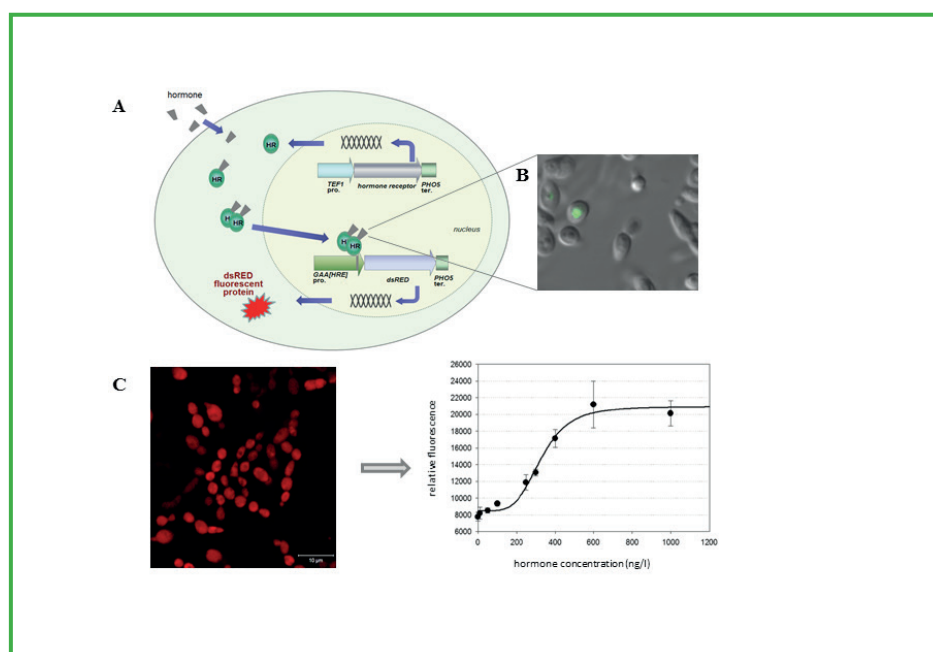


Fig. 34

A. adeninivorans based hormone detection assays.

(A) Hormone receptor is constitutively produced in the cytoplasm of *A. adeninivorans* cell. If present, hormones enter the cytoplasm and bind to the hormone receptor. After ligand-induced dimerisation, the receptor dimer translocates in the nucleus and bind to the HRE present in the GAAHREI pro promoter. This induces the production of the fluorescent reporter protein dsRED. (B) Dimer translocation in the nucleus was confirmed by independent complementation assay producing GFP fluorescence. (C) Overall cell fluorescence is then spectrofluorometrically measured and plotted as a function of hormone concentration. Response curve follows standard receptor-ligand four-parameter logistic curve.

Research Group **Metalloid Transport (MT)**

Head: Dr. Gerd Patrick Bienert



keywords

Aquaporin
Boron-deficiency tolerance
Brassica napus
Nutrient transport
Metalloid biology

The main objective of the DFG-funded Emmy Noether research group (RG) MT is to elucidate functions, biochemical reactions and transport pathways of metalloids in crop plants as well as their adaptive responses to metalloid deficiency and toxicity. We focus on the essential nutrient boron and on the highly toxic and carcinogenic element arsenic. We study mechanisms regulating the metalloid nutritional status in rapeseed and *Arabidopsis* and investigate their implications for the development of metalloid-efficient genotypes.

scientists

Till Arvid Diehn
Dr. Benjamin Pommerrenig
Dr. Jiye Rhee

The project addresses the question of how boron (B) deficiency-sensitive *Brassica* crop plants process and regulate their B status during vegetative and reproductive growth and investigates which mechanisms control the B uptake and allocation from the level of the whole plant down to the cellular level. To this aim, we established two independent screening conditions which allow a phenotypic description of the B efficiency in soil-substrate pot conditions and the quantitative assessment of B efficiency via the evaluation of parameters describing the rapid root growth inhibition under B deficiency. We screened 357 winter-type and 242 summer-type rapeseed cultivars from the Gene Bank of the IPK. These cultivars represent an assortment from all over the world including areas with B sufficient and B deficient soils. Both screens resulted in the identification of three highly B deficiency tolerant summer-type cultivars (Fig. 35). These cultivars were selected for further comparative analyses. The genetic, morphological, physiological and

molecular differences between B efficient and -inefficient cultivars are currently analysed. To identify the genetic loci responsible for the difference in B deficiency tolerance, crossings between the different cultivars were made and successful F1-crossings have been confirmed by marker-based PCR (in cooperation with the RG GP). These crossings will serve as biparental mapping populations to identify genes underlying B deficiency tolerance. Using highly controlled growth conditions in the *LemnaTec* facilities of the IPK the selected cultivars were compared in detail in their growth behaviour and fluorescent parameters (in cooperation with the RG HEG). Results are being analysed at the moment. Elemental analysis of soil-substrate grown plants under minus und plus B conditions as well as in hydroponic uptake kinetic studies revealed significant differences in B contents of B deficiency tolerant and sensitive plants when grown under B deficient conditions but not under standard conditions. These results indicate that the B deficiency tolerant culti-

vars can grow with a very limited amount of B even until flowering. This suggests that their B requirement is very low or their utilisation ability is very high. Cell wall structure and components which could compensate for low B levels will have to be analysed. In seedlings, tremendous histologically phenotypic abnormalities can be observed at the cell level in B deficiency sensitive cultivars, while the tolerant cultivars display normal cell differentiation and shape (in cooperation with the RG SZB). Sugar, amino acid and hormone analyses are being performed at the moment. Results indicate that B deficiency tolerant cultivars sense the deficiency as e. g. a very high level of free proline was detected. Such high proline concentrations are typically found under B deficient conditions. It will be analysed whether B deficiency tolerant cultivars display tolerance towards other nutrient deficiencies as well. Interestingly, all B deficiency tolerant cultivars have a distinct root system architecture compared to B deficiency sensitive cultivars: much higher dry weights are combined with much shorter primary roots. Additionally, we focus on the identification of B deficiency-sensitive transport processes to and within the highly B demanding reproductive organs.

A certain subgroup of *Nodulin26-like Intrinsic Proteins* (NIPs) and BOR transporter proteins are essential for plant B uptake and distribution. The systematic focus on the molecular and physiological characterisation of particularly *B. napus* NIPs will clarify their role in the B response network. To this aim, the complete set of NIPs and BORs were identified from the public available genomes of *Brassica rapa*, *B. oleracea* and *B. napus*. 33 NIPs and 19 BORs have been identified in *B. napus*. For 10 BnNIPs a B transport activity was demonstrated in an uptake assay in the heterologous *Xenopus laevis* system. The substrate specificity of BnNIPs and BnBOR is further characterised in the heterologous expression system *Saccharomyces cerevisiae*. B permeable NIPs do not facilitate the transport of water. In subcellular localisation studies, we detected B permeable BnNIPs in the plasma membrane of cells and observed the ability to form heterotetramers.

highlights

Identification of highly boron deficiency tolerant rapeseed cultivars from the IPK Gene Bank collection.

Detailed transport characterisation of *Brassica napus* Nodulin26-like intrinsic Protein metalloido-porins in the heterologous *Xenopus laevis* oocyte system.

Setting up a multimixer stopped-flow system at the IPK to address rapid-kinetics applications.

Establishment of a research collaboration with the IUF Düsseldorf to analyse a potential aquaporin-mediated transmembrane transport of the essential signalling molecule hydrogen sulphide. Review Metalloido-porins in Plant Science and Phylogenetic analysis of *Brassica oleracea* AQP in FIPS

funding

DFG, Company of Biologists Cambridge/ UK, IUF

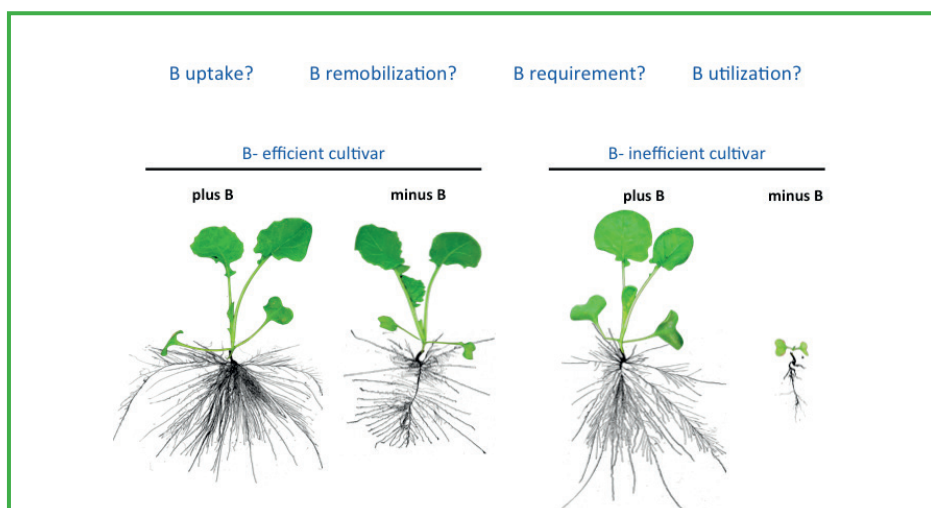


Fig. 35 Boron-efficient and boron-inefficient *Brassica napus* cultivars differ drastically in their root- and shoot phenotype when grown in boron-deficient soil conditions. Mechanisms, which are responsible for the differences in boron efficiency will be determined (G.P. Bienert).

Independent Heisenberg Research Group Plant Architecture (PBP)

Head: Dr. habil. Thorsten Schnurbusch



Our understanding of the molecular genetics of spike or spikelet development is very limited in small grain cereals. Functional knowledge of genes, which regulate key developmental traits such as inflorescence branching, spikelet initiation or abortion, is almost completely lacking in most of our cereal crops. We are utilising natural spike variants from wheat and induced spike mutants from barley to clarify the genetic make-up of genes underlying developmental phenotypes for reduced and increased grain number per spike.

keywords

Cereal Spike
Floret
Developmental and Molecular
Genetics
Inflorescence Architecture
Spikelet

scientists

Dr. Ahmad M. Alqudah
Dr. Ravi Koppolu
Dr. Naser Poursarebani
Dr. Johannes Thiel
Dr. Helmy M. Youssef

Among grasses, species from the tribe *Triticeae* have acquired a specific form of inflorescences in which spikelets, the actual building blocks of grass inflorescences, are directly attached to the main axis (or rachis). In contrast to other grass species like rice and maize, little is known about the genetic determinants that regulate inflorescence specification in *Triticeae*. We identified a gene in tetraploid wheat (*branched head^d*, *TtBH-A1*) and barley (*compositum 2*, *COM2*) containing an AP2/ERF domain that represses inflorescence branch formation. Across grass species *TtBH-A1/COM2* show 100% sequence conservation within the AP2/ERF domain and one highly conserved protein coding region. Non-functional forms of this protein always cause inflorescence branching suggesting a consistent role in preventing formation of any ectopic branch-like meristems in grass inflorescences. In the maize mutant *branched silkless 1* (*bd1*) and rice mutant *frizzy panicle* (*fzp*) the spikelet meristems (SMs) acquire branch meristem (BM) identity through the reiterated formation of axillary meristems that prevent the transition of spikelet to floral meristem identity. A similar pattern of direct conversion of SMs to branch-like meristems was observed in barley and tetraploid wheat. The

branch-like meristem resembles inflorescence-like meristems that produce secondary spike-like structures. Conventionally, in wheat single spikelets arise from single rachis nodes. Non-canonical spike forms showing ramified or branched wheat spikes, have been described as *Miracle-Wheat* (Fig. 36; *Triticum turgidum* convar. *compositum* (L.f.) Filat.) also recognized as *Wunder-Weizen*, *Blé de Miracle* or *Blé d'Osiris*. The branching appearance of the *Miracle-Wheat* inflorescence is evidently due to a naturally occurring mutation that has been known since ancient times (Lobel, 1591; <http://bibdigital.rjb.csic.es/ing/Libro.php?Libro=4360>). Spike-branching is of particular importance for enhancing sink capacity and boosting the yield potential of the crop, because in the case of wheat cultivars, current performance is generally thought to be sink-restricted.

Polyploidy and its association with increased grain number per spike. In all diploid grass species in which non-canonical branch formation is the result of a mutation in branch repressor genes like *BD1*, *FZP* or *COM2*, no increase in grain number was reported. The latter is often due to associated inferior floret fertility. According to our

microarray analysis, COM2 is also engaged in pathway(s) related to spikelet/floret fertility, in addition to branch repression, suggesting that similar factors play a role in diploid barley. Most interestingly, such negative pleiotropic effects on fertility were not observed in polyploid wheat. The recessive single-gene inheritance of the *bh¹* locus rather suggests that the A genome copy of TtBH-A1 solely contributes to branch repression in tetraploid wheats, while the B genome copy appears inactive. However, future work has to resolve what role these different homoeo-alleles of TtBH play during the subsequent floral differentiation process for retaining fertility. In fact, this buffering effect of polyploidy on mutations might be the reason for the stable fertility in *Miracle-Wheat*, resulting in improved grain number per spike and elevated sink-capacity. So, the exploitation of the *bh¹* allele in combination with the genetic marker developed in our study may provide an interesting opportunity for introducing the spike-branching trait into modern varieties with conceivable implications for boosting wheat's yield potential.

Branched spike; a domestication related trait in wheat. Our re-sequencing analysis of the TtBH-A1 gene in wild type and spike-branching tetraploid wheat accessions showed the presence of a single allele (i.e. *bh¹*) in all *Miracle-Wheat* accessions. This is clear proof of a single selection event during the domestication process of tetraploid wheat which most likely took place in cultivated emmer (AABB; *T. dicoccum* L.) wheat. However, timescale and site, when and where the mutation underlying *Miracle-Wheat* initially occurred remains unclear. The *Miracle-Wheat* has been cultivated under various names in different parts of the world, especially before the emergence of the modern-days breeding activities. Evidently, this ancient trait captivated farmers and present-day scientists alike simply because of its magnificent appearance and promise of wealth. Introducing this genetic resource to modern wheat breeding may be a worthwhile endeavor.

highlights

NATURE paper of boron tolerant wheat published together with Australian colleagues

Bilateral Research Cooperation signed with BAYER CropScience, Ghent (barley spike transcript atlas)

Habilitation award for Thorsten Schnurbusch

HEISENBERG-Research Fellowship award from DFG for Thorsten Schnurbusch

GENETICS paper of *Miracle-Wheat* published

funding

DFG, BMBF, BMEL, WGL, EU-FP7, CSC, Industry

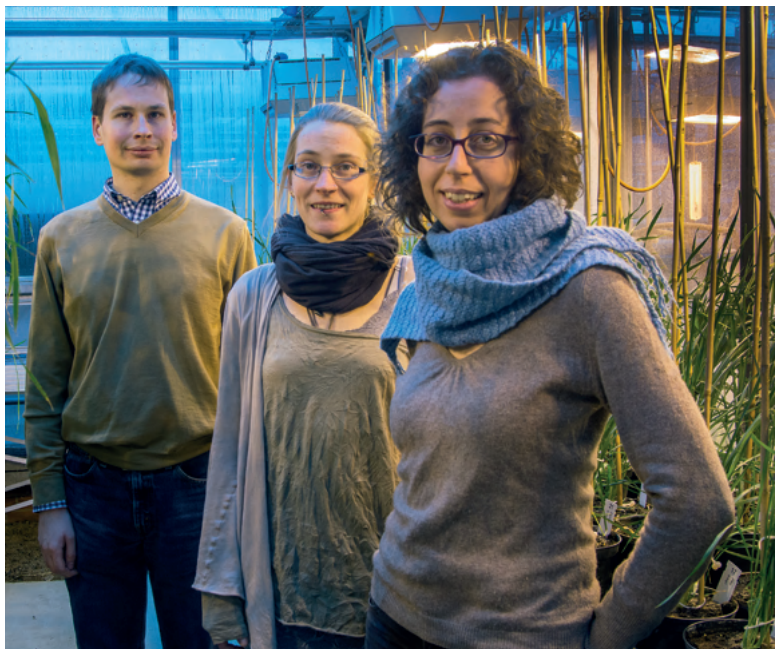


Fig. 36 Spikes of tetraploid wheat.

Left: *Miracle Wheat*, right: standard durum wheat spike.

Independent Research Group Domestication Genomics (DG)

Head: Dr. Martin Mascher



keywords

Barley, Wheat, Rye
Crop wild relatives
Demographic history
Population genetics
Sequence-based genotyping

scientists

Dr. Martin Mascher
Dr. Sara Giulia Milner
Mona Schreiber

The research group *Domestication Genomics* (DG) applies methods of population genetics, genome informatics and gene expression analysis to genome-wide sequence, genetic marker and transcriptome datasets

Development of genomic resources as a basis for resequencing. We are also involved in the development of genomic sequence and map resources to enable the unbiased assessment of genetic variation in highly diverse germplasm collections and facilitate the genomic contextualization of sequence data. The group is involved in the construction of the map-based reference sequence of the barley genome by the *International Barley Genome Sequencing Consortium* (Ariyadasa et al. Plant Physiology 2014). Starting from sequence assemblies of individual bacterial artificial chromosomes, we have implemented a computational pipeline to detect overlaps between BACs, produce a non-redundant sequence and bring the resultant sequence scaffolds in a linear order. The genome browser BARLEX has been developed for interactive access to the comprehensive, multi-layered genomic framework of barley including genetic and physical maps, gene annotation and marker positions (Colmsee et al. 2015).

The research group *Domestication Genomics* studies domestication and adaptation processes and their interaction with genetic diversity in crops and their wild relative. Research is mainly focused on the cereals barley, wheat and rye, for which a large number of wild and domesticated accessions are maintained in IPK's Gene Bank. We want to elucidate the relationship between crops and their wild relatives, trace the demographic history and adaptation of cereal crops as they spread from their sites of domestication and understand the molecular consequences of domestication on nucleotide diversity, gene expression and gene regulation.

The POPSEQ method for genetic anchoring of whole-genome shotgun assemblies (Mascher and Stein Frontiers in Genetics 2014) was applied to construct draft genome assemblies of two genotypes of bread wheat (*International Wheat Genome Sequencing Consortium* Science 2014, Chapman et al. Genome Biology 2015). Together with the research group GGR, we have implemented chromosome conformation capture sequencing as a powerful method to construct accurate genome maps even in recombinationally inert peri-centromeric regions where genetic mapping cannot be used to anchor and order assemblies. We have applied the method to sequence assemblies of barley, bread wheat and wild emmer and were able to bring > 90% of the assembled sequence in linear order in each case.

Genotyping-by-sequencing to assess genetic diversity. *Genotyping-by-sequencing* (GBS) is a rapid, cost-efficient method to obtain genome-wide marker data in species with large genomes (Mascher et al. 2013). The research group DG pursues GBS projects in barley, wheat and rye. In frame of the Leibniz-funded project BRIDGE, we will analyse GBS data of the entire barley col-

lection of IPK's Gene Bank encompassing more than 20,000 accessions (Fig. 37). Preliminary analyses indicate that we will obtain more than 50,000 informative markers. GBS of a set of 240 wild and domesticated barley accessions contributed to understanding the global population structure in wild barley in relation to brittle rachis genes (Pourkheirandish et al. Cell 2015). In collaboration with the research group RGR, we have initiated a GBS experiment involving samples from 100 populations of rye cultivars and landraces from across Europe and Western Asia as well as wild relatives from the genus *Secale*. A pilot experiment with ~90 individuals from two populations has established the utility of GBS to study genome diversity within and between rye populations. Lastly, the group collaborates with the research groups GGR, GED and PBP as well as with external partners in the analysis of GBS and exome sequencing data of bi-parental mapping populations in frame of map-based cloning projects (Mascher et al. Genome Biology 2014).

Transcriptome diversity in wild and domesticated barley. The group has acquired DFG funding to pursue a survey of the regulatory architecture of gene expression in wild and domesticated barley by measuring allele-specific expression in F1 hybrids between wild and domesticated barley accessions and compare it to estimates of transcript abundance in the parents. In a pilot experiment, RNAseq data from Morex x Barke F1 hybrid seedlings has been used to setup a computational pipeline for the analysis of differential gene expression and allelic specific expression.

highlights

Martin Mascher nominated for Leibniz Young Scientists Award

Sara Milner received Leibniz-DAAD fellowship

Publication of two wheat draft genome sequences

funding

Leibniz, DFG, DAAD

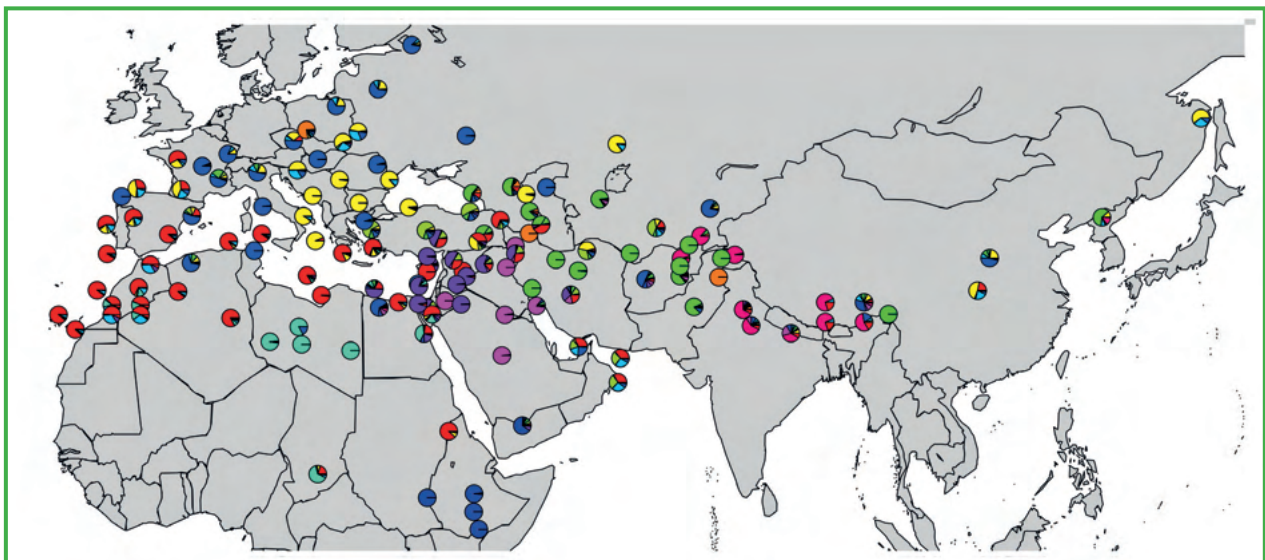


Fig. 37 Population structure in 228 geo-referenced barley landraces from IPK's Gene Bank collection. The pie charts are drawn at the collection sites of the accessions (with minor offsets to avoid overlaps) and indicate fractional subpopulation assignments as estimated by model-based ancestry estimation.

Independent Junior Research Group Abiotic Stress Genomics (SGN)

Head: Dr. Markus Kuhlmann



keywords

Absciscic acid
Barley row type (2-rowed/6-rowed)
DNA methylation
Terminal drought
Tiller formation
Small regulatory RNA

scientists

Dr. Markus Kuhlmann
Dr. Christiane Seiler
Dr. Nese Sreenivasulu
Korana Surdonja
Venkatasubbu Thirulogachandar
Hongwen Wang

Cultivated barley is among the world's earliest domesticated crop species and today represents the fourth most abundant cereal in both area and tonnage harvested. Thus, improving barley crop yield is one of the most important challenges for research scientists, based on its food and commercial values.

Barley plant architecture is crucial for grain yield and is determined by plant height, tiller number, grain number, grain size, and spike size and spikelet number in a spike, associated with barley productivity. In the project funded by the Leibniz Graduate School *Yield Formation in cereals-overcoming yield-limiting factors* the tiller number in barley as an important agronomic trait for grain production is investigated.

The plant hormone *Abscisic Acid* (ABA) mediates plant responses to different kinds of abiotic stress such as drought stress and is involved in long-distance signaling in plants. It is the key signal regulating stomatal aperture, seed development, embryo maturation, synthesis of storage products (proteins and lipids), desiccation tolerance and is involved in apoptosis and maintenance of dormancy (inhibition of germination). In concert with other

Terminal drought can have severe impact on crop production. Especially, the reproductive stages are highly sensitive causing severe yield losses. Our lab is interested to reveal the molecular mechanisms contributing to stable yield in barley under drought mainly by addressing the research topics (a) altered grain number and (b) seed filling efficiency. We use integrative genomics approaches to derive gene regulatory networks as well to identify the key regulatory targets, including small regulatory RNA and DNA methylation during the spike meristem differentiation and seed development.

plant signaling molecules, ABA is also implicated in mediating responses to pathogens and wounding. Certainly, ABA homeostasis in the plant is tightly controlled by a balance between biosynthesis, inactivation and degradation. But its function in tiller development has been unknown.

In order to increase drought resistance independent transgenic lines (LOHi) have been generated that are post transcriptionally silenced for *ABA 8'-hydroxylase* genes (RNAi). Surprisingly, the transgenic lines showed more tillers resulting in increased yield under control conditions (Fig. 38). It was found that during development a temporal increase in ABA content in the late vegetative phase occurs. The followed decrease of ABA content is affected in the two transgenic lines, correlating with the extended phase of active tiller outgrowth. The described phenotype was observed under both phytochamber and greenhouse conditions. At field near conditions the phenotype was detected after terminal drought treatment.

Initial transcriptome analysis performed by microarray hybridisation revealed a new interplay of the plant hormones abscisic acid

and strigolactone. Strigolactones are plant hormones, identified in the dicotyledonous model plant *Arabidopsis thaliana* and also described for the well analysed monocotyledonous model rice, repressing the outgrowth of lateral organs. The synthesis of abscisic acid and strigolactones share all-trans-beta-carotene as common precursor. We could identify a barley gene encoding an all-trans/9-cis-beta carotene isomerase with homology to the *A. thaliana* DWARF27 (D27) gene. The analysed transgenic plants with elevated levels of ABA after anthesis showed a clear ABA dependent reduction of HvD27 mRNA in roots. Based on sequence similarity several genes involved in strigolactone biosynthesis and signal perception could be identified in barley. Based on the transgene approach and supported by their expression pattern the involvement of CCD7, CCD8 and MAX1 orthologous genes in barley on strigolactone production could be confirmed. Analysis of LOHi barley root exudates revealed the reduced presence of 5-deoxy-strigol, the main active compound involved in the inhibition of lateral organ outgrowth. To validate the gene function of HvDWARF27 as regulator of tiller outgrowth virus induced gene silencing was performed. Therefore, in collaboration with research group PSG a part of the coding region of HvD27 was inserted into the sequence of the barley stripe mosaic virus and used for infection of barley plants cv. *Black Hulless*. After confirmation the successful infection and transcriptional suppression of the target gene the phenotype of enhanced tiller outgrowth could be confirmed.

Within the described project we were able to identify and quantify for the first time the bioactive plant hormone 5-deoxy-strigol in barley. Furthermore using our transgenic approach we could identify HvD27 as important key enzyme, interconnecting abscisic acid and strigolactone biosynthesis. The transcriptional activity of HvD27 is suppressed by elevated concentration of ABA in the root and thereby strigolactone mediated suppression of lateral organ outgrowth reduced after anthesis.



highlights

Approval of project funding by Leibniz WissenschaftsCampus Halle - Pflanzenbasierte Bioökonomie (WCH)

funding

ICN, BMBF, DFG

Fig. 38 Barley (*Hordeum vulgare*) after terminal drought stress treatment (right) compared to control plants (left).

Terminal drought stress lead to strong loss of yield. As depicted here the difference is visible in the drought stressed plants by degradation of chlorophyll (yellow color) and enhanced senescence.

Bioinformatics at the IPK

Coordinator Biodiversity Informatics: Dr. Uwe Scholz

Coordinator Systems Analysis and Modelling: Dr. Andrea Bräutigam

Bioinformatics is distributed across different research groups covering a wide range of aspects of integrative bioinformatics, genomics and systems biology in general and plant bioinformatics in particular.

As in other research institutions in the life sciences, the demand for an efficient bioinformatics infrastructure is constantly increasing at IPK. At the same time, bioinformatics as an independent field of research is diversifying into specialized areas. Thus, the bioinformatics coordinators act as facilitators in identifying the requirements of increasingly data-driven research and combining the expertise of different research groups towards efficient solutions.

In addition to scientific challenges, bioinformatics at IPK has seen several organizational changes. At the beginning of 2014, the former bioinformatics coordinator Prof. Dr. Falk Schreiber moved to the department of Information Technology at the Monash University in Melbourne, Australia. Furthermore, Dr. Christian Klukas, head of the research group *Image Analysis*, has left the institute. Currently, both vacant group leader positions are about to be filled. Moreover, a new bioinformatics research group *Domestication Genomics* headed by Dr. Martin Mascher was established at the beginning of 2015. The cooperation between experimentalist and computational researchers was strengthened by the integration of the bioinformatician Dr. Anja Hartmann into the research group *Molecular Plant Nutrition* to facilitate the close interaction between data collection in the wet-lab and analysis on the computer.

These changes are reflected in the reorganization of the bioinformatics coordination, which was separated into two subject areas: *Biodiversity Informatics* and *Systems Analysis and Modelling*. Besides this organisational restructuring, IPK's bioinformatics groups can look back on many scientific achievements within the reporting period, some of which are presented here.

The research group *Image Analysis* participated successfully at the competitions for phenotypic image data analysis in the areas of *Leaf segmentation* and *Leaf counting* in 2014 and 2015. These competitions were organised in frame of international conferences on data visualisation conferences and the contributions by the research group ranked first in both years.

Dr. Martin Mascher's research impressively demonstrates the international visibility of IPK's bioinformatics. The concept developed in his dissertation was adopted by the *International*

Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC) towards assembling a draft genome sequence for wheat, which was published *Science*. As the leader of the independent research group *Domestication Genomics* at IPK, he will pursue new research directions in domestication research and crop evolution.

Since 2014, IPK has been responsible for the maintenance and development of the EURISCO database. This catalog stores information on more than 1.8 million accessions of genetic resources in Europe. The EURISCO manager and developer Dr. Stephan Weise is integrated into the research group *Genebank Documentation* to achieve synergy effects with the *Genebank Information System* (GBIS).

In frame of bioinformatics research within the *German Plant Phenotyping Network* (DPPN), the e!DAL software has been developed as a universal system to publish scientific research data under persistent *Digital Object Identifiers* (DOIs) and has been recognized as a scientific data repository by Nature Publishing Group.

IPK is constantly providing new sequence resources for the international plant genomics community by submitting next-generation sequencing datasets to the EMBL ENA database. At the end of 2015, raw data of 45 sequencing projects in nine different species with a total data volume of 8.5 Tb had been submitted and most of the sequences were publicly accessible.

Since the beginning of 2015, IPK has been a partner in de.NBI – *German Network for Bioinformatics Infrastructure*, a project financed by German BMBF that unites 23 institutions. IPK is coordinating a service unit focusing plant bioinformatics called GCBN – *German Crop BioGreenformatics Network*.

Finally, it should not go unmentioned that the bioinformatics researchers at IPK have contributed substantially to the construction of a high-quality reference sequence of the barley genome by assembling chromosomal sequences from millions of short sequence reads. This new sequence resource underpins the sequence-based genotyping of all ~22,000 barley accessions from IPK's genebank within the Leibniz-funded BRIDGE project. Three bioinformatics groups are currently contributing to

this inter-disciplinary efforts towards establishing crop biodiversity informatics as the basis for the utilisation of the natural genetic and phenotypic diversity of traditional landraces and crop wild relatives towards the improvement of elite varieties by modern breeding research.

All these bioinformatics activities are manifestations of IPK's evolution in a digital resource center for plant genetics. Detailed information on the scientific progress and coordination efforts can be found in the reports of the individual research groups.

Fig. 39 Bioinformatics Centre of IPK: the new home of the bioinformatics research groups.



IPK PostDoc Board

The IPK PostDoc Board is a representative body for all scientific staff holding a doctoral degree. Its focus is the representation of postdoctoral interests in dialogue with the Board of Directors, the group leaders and the PhD Student Board of IPK. Further key issues are: increasing the integration between IPK PostDocs in order to enhance scientific exchange and to support the establishment of internal collaborations, the establishment of long-term prospects at IPK, the evaluation of the situation of PostDocs at IPK in terms of academic performance, career and family circumstances.

Within the reporting period the PostDoc Board organised a series of scientific, educational and networking meetings and contributed actively to IPK events in general.

In November 2014 the first PostDoc retreat took place at IPK with the aim of establishing contacts and increasing the networking among PostDoc representatives from different research institutions in Germany. Besides the exchange of experiences and presentation of activities from the participating PostDocs, a discussion round with politicians focused on aspects and problems with respect to scientific career planning of young scientists in the German research system.

In December 2014 two soft skill courses were offered for PostDocs which gave 15 participants the chance to achieve better competencies in team work and leadership as well as networking in the academic area.

The 2nd BARLOMICs Summer School took place at IPK in September 2015. In the frame of this event 17 participating PhD students from five different research institutes or universities had the possibility to get insights into scientific topics of high

relevance, discuss with a number of invited renowned scientists, establish collaborations and create innovative ideas. The Summer School is affiliated with the Leibniz Graduate School *Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors* (at Martin Luther University Halle-Wittenberg and IPK), which is furthermore supported by PostDocs acting as mentors for PhD students at IPK.

In 2014 and 2015 members of the PostDoc Board contributed to activities on the day of the open door at IPK. With an exhibition of posters and real samples (e.g. transgenic plants) visitors were informed about methods and applications of green biotechnology and genetic engineering. Interactive games not only for children gave an overview of crop plants diversity. Furthermore, in both years, PostDoc Board members represented IPK on the *ScienceMeetsCompanies* career fair in Halle (Saale).

Finally, in December 2015 the PostDoc Board assessed in a survey the wishes and needs of IPK PostDocs in order to be able to coordinate future activities in a more demand-oriented manner.



Fig. 40 IPK PostDoc Board in 2015 (left to right: Dr. Manuela Nagel, Dr. Markus Kuhlmann (vice), Dr. Daniela Nowara, Dr. Christine Zanke, Dr. Astrid Junker (head), Dr. Götz Hensel, Dr. Andrea Matros).

PhD Program and the Leibniz Graduate School Gatersleben & Student Board

Since 2012, the Leibniz Graduate School Gatersleben has offered a single degree granting program *Yield formation in cereals – overcoming yield-limiting factors* together with the Martin Luther University Halle-Wittenberg (MLU). Both, the MLU and the IPK have formed a part of the *ScienceCampus Halle*. Of central concern to the graduate school is the establishment of a long-term effective research combining scientific expertise in crop plant research from the fields of agronomy and bioeconomy. Its ultimate goal is the methodical development of a structured graduate qualification and improvements towards the sustainability of the existing PhD program for students at the IPK. The realisation of this augmented program is carried out by the PhD Student Board (PSB) – the self-organised PhD student representation at IPK – in conjunction with the coordinators of the graduate school.

The program for the graduate school is based on lectures, scientific-technical courses and accompanying non-scientific soft skill courses. It has harmonized the currently established structures of the PhD program at IPK with the external qualification offers (lectures, courses and seminars). One fundamental element is the integration of scientists of the IPK who give lectures and scientific-technical courses for the PhD students.

The graduate school has introduced new instruments to assure the level of qualification of our graduate students, such as the study record book which serves as the main documentation medium for the PhD students individual project contents, aims and the attendance at various courses and workshops. A further qualification of the doctoral researchers at the IPK is the regular presentation of their research results in talks and on posters. PhD students meet biweekly to report on a scientific topic of their choosing, the motivation for their research subject and to present scientific articles of high common interest. Since 2013 the PSB instituted a structured feedback program to help speakers improve and since 2015 IPK mentors give directly advice and suggestions.

Once a year the *Plant Science Student Conference* (PSSC) is organised for PhD students, by a team overseen by the PSB, consisting of PhD students. The conference takes place on an annual rotating basis with the IPB in Halle and hosts between 70 and 80 participants. A jury of scientists present awards for the best talks and poster contributions at the end of the conference. The PSB invites renowned scientists to give keynote lectures and representatives who present on various career opportunities both inside and outside of academics throughout the conference.

Excursions to different companies have been organised in co-operation with the Biotech Campus Gatersleben. Participating PhD students were able to get an insight into the workings of these companies and investigate alternative career opportunities.

In addition to the annual PSSC, the PSB regularly invites renowned scientists to participate in the larger IPK seminar series of Gatersleben Lectures for the entire IPK community.

In 2015 the *Beagle Award* was bestowed for the fifth time. This prize, initiated by the PSB, is awarded annually jointly by the PSB and the Board of Directors. The award is given to young scientists with an outstanding scientific achievement during their PhD program coupled with a high social commitment. A jury of four group leaders and post docs from the IPK and three PSB members selected as a winner Ravi Koppulu of last year's Beagle Award.

In 2015 the PSB organised the third *PhD Students Annual Meeting* with the goal of increasing the social networking among PhD students at IPK and to extend the network to the JKI Quedlinburg. Therefore the IPK PhD students visited the JKI (Fig. 41). The PhD students of the JKI organised guided tours through their institute and explained their research topics with the help of posters and illustrative material. The PhD students used the opportunity to discuss problems, share and develop ideas and solutions, not only on the scientific, but also on an administrative and a social level. The meeting finished with an Oktoberfest party at the IPK club.



Fig. 41 IPK PhD students visit the JKI Quedlinburg in 2015.

Appendix

Publikationen/ Publications

Department of Genebank

Research Group Genome Diversity

Peer Reviewed Papers

2014

- ALQUDAH, A.M., R. SHARMA, R.K. PASAM, A. GRANER, B. KILIAN & T. SCHNURBUSCH: Genetic dissection of photoperiod response based on GWAS of pre-anthesis phase duration in spring barley. *PLoS One* 9 (2014) e113120.
- ARIYADASA, R., M. MASCHER, T. NUSSBAUMER, D. SCHULTE, Z. FRENKEL, N. POURSAEBANI, R. ZHOU, B. STEUERNAGEL, H. GUNDLACH, S. TAUDIEN, M. FELDER, M. PLATZER, A. HIMMELBACH, T. SCHMUTZER, P.E. HEDLEY, G.J. MUEHLBAUER, U. SCHOLZ, A. KOROL, K.F.X. MAYER, R. WAUGH, P. LANGRIDGE, A. GRANER & N. STEIN: A sequence-ready physical map of barley anchored genetically by two million SNPs. *Plant Physiol.* 164 (2014) 412-423.
- BOLGER, M., B. WEISSHAAR, U. SCHOLZ, N. STEIN, B. USADEL & K.F. MAYER: Plant Genome sequencing - applications for crop improvement. *Curr. Opin. Biotechnol.* 26 (2014) 31-37.
- BRAUMANN, I., N. STEIN & M. HANSSON: Reduced chlorophyll biosynthesis in heterozygous barley magnesium chelatase mutants. *Plant Physiol. Biochem.* 78 (2014) 10-14.
- CHEN, D., K. NEUMANN, S. FRIEDEL, B. KILIAN, M. CHEN, T. ALTMANN & C. KLUKAS: Dissecting the phenotypic components of crop plant growth and drought responses based on high-throughput image analysis. *Plant Cell* 26 (2014) 4636-4655.
- DOUCHKOV, D., S. LÜCK, A. JOHRDE, D. NOWARA, A. HIMMELBACH, J. RAJARAMAN, N. STEIN, R. SHARMA, B. KILIAN & P. SCHWEIZER: Discovery of genes affecting resistance of barley to adapted and non-adapted powdery mildew fungi. *Genome Biol.* 15 (2014) 518.
- EGGELING, R., A. GOHR, J. KEILWAGEN, M. MOHR, S. POSCH, A.D. SMITH & I. GROSSE: On the value of intra-motif dependencies of human insulator protein CTCF. *PLoS One* 9 (2014) e85629.
- FISCHER, A., F. FISCHER, G. JÄGER, J. KEILWAGEN, P. MOLITOR & I. GROSSE: Exact algorithms and heuristics for the quadratic traveling salesman problem with an application in bioinformatics. *Discrete Appl. Math.* 166 (2014) 97-114.
- GAWRONSKI, P., R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, N. POURSAEBANI, B. KILIAN, N. STEIN, B. STEUERNAGEL, G. HENSEL, J. KUMLEHN, S.K. SEHGAL, B.S. GILL, P. GOULD, A. HALL & T. SCHNURBUSCH: A distorted circadian clock causes early flowering and temperature-dependent variation in spike development in the *Eps-3A^m* mutant of einkorn wheat. *Genetics* 196 (2014) 1253-1261.
- HIMMELBACH, A., M. KNAUFT & N. STEIN: Plant sequence capture optimised for illumina sequencing. *Bio-protocol* 4 (2014) e1166.
- JAKOB, S.S., D. RÖDDER, J.O. ENGLER, S. SHAAF, H. ÖZKAN, F.R. BLATTNER & B. KILIAN: Evolutionary history of wild barley (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) analysed using multilocus sequence data and paleodistribution modeling. *Genome Biol. Evol.* 6 (2014) 685-702.
- KEILWAGEN, J., B. KILIAN, H. ÖZKAN, S. BABBEN, D. PEROVIC, K.F. MAYER, A. WALTHER, C.H. POSKAR, F. ORDON, K. EVERSOLE, A. BÖRNER, M. GANAL, H. KNÜPFER, A. GRANER & S. FRIEDEL: Separating the wheat from the chaff - a strategy to utilise plant genetic resources from *ex situ* genebanks. *Sci. Rep.* 4 (2014) 5231.
- KILIAN, B., H. KNÜPFER & K. HAMMER: Elisabeth Schiemann (1881-1972) - a pioneer of crop plant research, with special reference to cereal phylogeny. *Genet. Resour. Crop Evol.* 61 (2014) 89-106.
- KUNZE, G., C. GAILLARDIN, M. CZERNICKA, P. DURRENS, T. MARTIN, E. BÖER, T. GABALDÓN, J.A. CRUZ, E. TALLA, C. MARCK, A. GOFFEAU, V. BARBE, P. BARRET, K. BARONIAN, S. BEIER, C. BLEYKASTEN, R. BODE, S. CASAREGOLA, L. DESPONS, C. FAIRHEAD, M. GIERBERG, P.P. GIERSKI, U. HÄHNEL, A. HARTMANN, D. JANKOWSKA, C. JUBIN, P. JUNG, I. LAFONTAINE, V. LEH-LOUIS, M. LEMAIRE, M. MARCET-HOUBEN, M. MASCHER, G. MOREL, G.-F. RICHARD, J. RICHEN, C. SACERDOT, A. SARKAR, G. SAVEL, J. SCHACHERER, D.J. SHERMAN, N. STEIN, M.-L. STRAUB, A. THIERRY, A. TRAUTWEIN-SCHULT, B. VACHERIE, E. WESTHOF, S. WORCH, B. DUJON, J.-L. SOUCIET, P. WINCKER, U. SCHOLZ & C. NEUVÉGLISE: The complete genome of *Blastobotrys (Arxula) adenivorans* LS3 - a yeast of biotechnological interest. *Biotechnol. Biofuels* 7 (2014) 66.
- LÜPKEN, T., N. STEIN, D. PEROVIC, A. HABEKUSS, A. SERFLING, I. KRÄMER, U. HÄHNEL, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ARIYADASA, M.M. MARTIS, K.F.X. MAYER, R.E. NIKS, N.C. COLLINS, W. FRIEDT & F. ORDON: High resolution mapping of the barley *Ryd3* locus controlling tolerance to BYDV. *Mol. Breed.* 33 (2014) 477-488.
- MASCHER, M., M. JOST, J.E. KUON, A. HIMMELBACH, A. ASSFALG, S. BEIER, U. SCHOLZ, A. GRANER & N. STEIN: Mapping-by-sequencing accelerates forward genetics in barley. *Genome Biol.* 15 (2014) R78.
- MASCHER, M. & N. STEIN: Genetic anchoring of whole-genome shotgun assemblies. *Front. Genet.* 5 (2014) 208.
- MAZAHERI, M., P.M.A. KIANIAN, M. MERGOUIM, G.L. VALENTINI, R. SEETAN, S.M. PIRSEYEDI, A. KUMAR, Y.Q. GU, N. STEIN, M. KUBALÁKOVÁ, J. DOLEŽEL, A.M. DENTON & S.F. KIANIAN: Transposable element junctions in marker development and genomic characterisation of barley. *Plant Genome* 7 (2014) doi:10.3835/plantgenome2013.10.0036.
- MIDDLETON, C.P., N. SENERCHIA, N. STEIN, E.D. AKHUNOV, B. KELLER, T. WICKER & B. KILIAN: Sequencing of chloroplast genomes from wheat, barley, rye and their relatives provides a detailed insight into the evolution of the Triticeae tribe. *PLoS One* 9 (2014) e85761.
- NAVAKODE, S., K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Genome wide association mapping to identify aluminium tolerance loci in bread wheat. *Euphytica* 198 (2014) 401-411.
- PANKIN, A., C. CAMPOLI, X. DONG, B. KILIAN, R. SHARMA, A. HIMMELBACH, R. SAINI, S.J. DAVIS, N. STEIN, K. SCHNEEBERGER & M. VON KORFF: Mapping-by-sequencing identifies *HvPHYTOCHROME C* as a candidate gene for the *early maturity 5* locus modulating the circadian clock and photoperiodic flowering in barley. *Genetics* 198 (2014) 383-396.
- PASAM, R.K., R. SHARMA, A. WALTHER, H. ÖZKAN, A. GRANER & B. KILIAN: Genetic diversity and population structure in a legacy collection of spring barley landraces adapted to a wide range of climates. *PLoS One* 9 (2014) e116164.
- PASQUARIELLO, M., D. BARABASCHI, A. HIMMELBACH, B. STEUERNAGEL, R. ARIYADASA, N. STEIN, F. GANDOLFI, E. TENEDINI, I. BERNARDIS, E. TAGLIAFICO, N. PECCHIONI & E. FRANCA: The barley *Frost resistance-H2* locus. *Funct. Integr. Genomics* 14 (2014) 85-100.
- POURSAEBANI, N., L. MA, T. SCHMUTZER, A. HOUBEN & N. STEIN: FISH mapping for physical map improvement in the large genome of barley - a case study on chromosome 2H. *Cytogenet. Genome Res.* 143 (2014) 275-279.
- POURSAEBANI, N., T. NUSSBAUMER, H. ŠIMKOVÁ, J. ŠAFÁŘ, H. WITSENBOER, J. VAN OEVEREN, C. INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING, J. DOLEŽEL, K.F.X. MAYER, N. STEIN & T. SCHNURBUSCH: Whole genome profiling (WGP™) and shotgun sequencing delivers an anchored, gene-decora-

- ted, physical map assembly of bread wheat chromosome 6A. *Plant J.* 79 (2014) 334-347.
- SCHMUTZER, T., L. MA, N. POUR-SAREBANI, F. BULL, N. STEIN, A. HOUBEN & U. SCHOLZ: Kmas-ker – a tool for in silico prediction of single-copy FISH probes for the large-genome species *Hordeum vulgare*. *Cytogenet. Genome Res.* 142 (2014) 66-78.
- SHAAF, S., R. SHARMA, B. KILIAN, A. WALTHER, H. ÖZKAN, E. KARAMI & B. MOHAMMADI: Genetic structure and eco-geographical adaptation of garlic landraces (*Allium sativum* L.) in Iran. *Genet. Resour. Crop Evol.* 61 (2014) 1565-1580.
- THE INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (IWGSC; IPK AUTHORS: MASCHER, M., SCHOLZ, U. & STEIN, N.): A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science* 345 (2014) 1251788.
- WENDLER, N., M. MASCHER, C. NÖH, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN: Unlocking the secondary gene-pool of barley with next-generation sequencing. *Plant Biotechnol. J.* 12 (2014) 1122-1131.
- YANG, P., A. HABEKUSS, F. ORDON & N. STEIN: Analysis of bymovirus resistance genes on proximal barley chromosome 4HL provides the basis for precision breeding for BaMMV/BaY-MV resistance. *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 1625-1634.
- YANG, P., T. LÜPKEN, A. HABEKUSS, G. HENSEL, B. STEUERNAGEL, B. KILIAN, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, J. KUMLEHN, U. SCHOLZ, F. ORDON & N. STEIN: *PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE LIKE 5-1* is a susceptibility factor to plant viruses. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111 (2014) 2104-2109.
- ZANKE, C.D., J. LING, J. PLIESKE, S. KOLLERS, E. EBMEYER, V. KORZUN, O. ARGILLIER, G. STIEWE, M. HINZE, K. NEUMANN, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Whole genome association mapping of plant height in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLoS One* 9 (2014) e113287.
- 2015**
- ABDEL-GHANI, A.H., K. NEUMANN, C. WABILA, R. SHARMA, S. DHANAGOND, S.J. OWAI, A. BÖRNER, A. GRANER & B. KILIAN: Diversity of germination and seedling traits in a spring barley (*Hordeum vulgare* L.) collection under drought simulated conditions. *Genet. Resour. Crop Evol.* 62 (2015) 275-292.
- ALIYEVA-SCHNORR, L., S. BEIER, M. KARAFIÁTOVÁ, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, J. DOLEŽEL, N. STEIN & A. HOUBEN: Cytogenetic mapping with centromeric BAC contigs shows that this recombination-poor region comprises more than half of barley chromosome 3H. *Plant J.* 84 (2015) 385-394.
- ALSALEH, A., F.S. BALOCH, M. DERYA, M. AZRAK, B. KILIAN, H. ÖZKAN & M. NACHIT: Genetic linkage map of Anatolian durum wheat derived from a cross of Kunduru-1149 × Cham1. *Plant Mol. Biol. Rep.* 33 (2015) 209-220.
- BADAIEVA, E.D., J. KEILWAGEN, H. KNÜPFER, L. WASSERMANN, O.S. DEDKOVA, O.P. MITROFANOVA, O.N. KOVALEVA, O.A. LIAPUNOVA, V.A. PUKHALSKIY, H. ÖZKAN, A. GRANER, G. WILLCOX & B. KILIAN: Chromosomal passports provide new insights into diffusion of emmer wheat. *PLoS One* 10 (2015) e0128556.
- BANAEI-MOGHADDAM, A.M., M.M. MARTIS, J. MACAS, H. GUNDLACH, A. HIMMELBACH, L. ALTSCHMIED, K.F. MAYER & A. HOUBEN: Genes on B chromosomes: Old questions revisited with new tools. *Biochim. Biophys. Acta* 1849 (2015) 64-70.
- BROWN, R.H., J. SINGH, S. SINGH, L.S. DAHLEEN, P.G. LEMAUX, N. STEIN, M. MASCHER & P. BREGITZER: Behavior of a modified *Dissociation* element in barley: a tool for genetic studies and for breeding transgenic barley. *Mol. Breed.* 35 (2015) 85.
- CHAPMAN, J.A., M. MASCHER, A. BULUÇ, K. BARRY, E. GEORGANAS, A. SESSION, V. STRNADOVA, J. JENKINS, S. SEGHAL, L. OLIVER, J. SCHMUTZ, K.A. YELICK, U. SCHOLZ, R. WAUGH, J.A. POLAND, G.J. MUEHLBAUER, N. STEIN & D.S. ROKHSAR: A whole-genome shotgun approach for assembling and anchoring the hexaploid bread wheat genome. *Genome Biol.* 16 (2015) 26.
- COLMSEE, C., S. BEIER, A. HIMMELBACH, T. SCHMUTZER, N. STEIN, U. SCHOLZ & M. MASCHER: BARLEX – the barley draft genome explorer. *Mol. Plant* 8 (2015) 964-966.
- CVIKOVÁ, K., F. CATTONARO, M. ALAUX, N. STEIN, K.F. MAYER, J. DOLEŽEL & J. BARTOŠ: High-throughput physical map anchoring via BAC-pool sequencing. *BMC Plant Biol.* 15 (2015) 99.
- DUNDAS, I., P. ZHANG, D. VERLIN, A. GRANER & K. SHEPHERD: Chromosome engineering and physical mapping of the *Thinopyrum ponticum* translocation in wheat carrying the rust resistance gene *Sr26*. *Crop Sci.* 55 (2015) 648-657.
- KARIMI-ASHTIYANI, R., T. ISHII, M. NIESSEN, N. STEIN, S. HECKMANN, M. GURUSHIDZE, A.M. BANAEI-MOGHADDAM, J. FUCHS, V. SCHUBERT, K. KOCH, O. WEISS, D. DEMIDOV, K. SCHMIDT, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Point mutation impairs centromeric CENH3 loading and induces haploid plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 11211-11216.
- LI, J., Y.P. GYAWALI, R. ZHOU, N. STEIN, S. NASUDA & T.R. ENDO: Comparative study of the structure of chromosome 1R derived from *Secale montanum* and *Secale cereale*. *Plant Breed.* 134 (2015) 675-683.
- MAURER, A., V. DRABA, Y. JIANG, F. SCHNAITHMANN, R. SHARMA, E. SCHUMANN, B. KILIAN, J.C. REIF & K. PILLEN: Modelling the genetic architecture of flowering time control in barley through nested association mapping. *BMC Genomics* 16 (2015) 290.
- MUÑOZ-AMATRIAIN, M., S. LONARDI, M. LUO, K. MADISHETTY, J. SVENSSON, M. MOSCOU, S. WANAMAKER, T. JIANG, A. KLEINHOF, G. MUEHLBAUER, R. WISE, N. STEIN, Y. MA, E. RODRIGUEZ, D. KUDRNA, P.R. BHAT, S. CHAO, P. CON-DAMINE, S. HEINEN, J. RESNIK, R. WING, H.N. WITT, M. ALPERT, M. BECCUTI, S. BOZDAG, F. CORDERO, H. MIREBRAHIM, R. OUNIT, Y. WU, F. YOU, J. ZHENG, H. ŠIMKOVÁ, J. DOLEŽEL, J. GRIMWOOD, J. SCHMUTZ, D. DUMA, L. ALTSCHMIED, T. BLAKE, P. BREGITZER, L. COOPER, M. DILBIRIGI, A. FALK, L. FEIZ, A. GRANER, P. GUSTAFSON, P. HAYES, P. LEMAUX, J. MAMMADOV & T. CLOSE: Sequencing of 15,622 gene-bearing BACs clarifies the gene-dense regions of the barley genome. *Plant J.* 84 (2015) 216-227.
- NAGEL, M., I. KRANNER, K. NEUMANN, H. ROLLETSCHEK, C.E. SEAL, L. COLVILLE, B. FERNÁNDEZ-MARIN & A. BÖRNER: Genome-wide association mapping and biochemical markers reveal that seed ageing and longevity are intricately affected by genetic background, developmental and environmental conditions in barley. *Plant Cell Environ.* 38 (2015) 1011-1022.
- NEUMANN, K., C. KLUKAS, S. FRIEDEL, P. RISCHBECK, D. CHEN, A. ENTZIAN, N. STEIN, A. GRANER & B. KILIAN: Dissecting spatio-temporal biomass accumulation in barley under different water regimes using high-throughput image analysis. *Plant Cell Environ.* 38 (2015) 1980-1996.
- POURKHEIRANDISH, M., G. HENSEL, B. KILIAN, N. SENTHIL, G. CHEN, M. SAMERI, P. AZHAGUVEL, S. SAKUMA, S. DHANAGOND, R. SHARMA, M. MASCHER, A. HIMMELBACH, S. GOTTFELD, SUDHA K. NAIR, A. TAGIRI, F. YUKUHIRO, Y. NAGAMURA, H. KANAMORI, T. MATSUMOTO, G. WILLCOX, CHRISTOPHER P. MIDDLETON, T. WICKER, A. WALTHER, R. WAUGH, GEOFFREY B. FINCHER, N. STEIN, J. KUMLEHN, K. SATO & T. KOMATSUDA: Evolution of the grain dispersal system in barley. *Cell* 162 (2015) 527-539.
- ŠTÁNKOVÁ, H., M. VALÁRIK, N.V. LAPITAN, P. BERKMAN, J. BATLEY, D. EDWARDS, M.-C. LUO, Z. TULPOVÁ, M. KUBALÁKOVÁ, N. STEIN, J. DOLEŽEL & H. ŠIMKOVÁ: Chromosomal genomics facilitates fine mapping of a Russian wheat aphid resistance

gene. Theor. Appl. Genet. 128 (2015) 1373-1383.

TAVAKOL, E., R. OKAGAKI, G. VERDERIO, V. SHARIATI, A. HUSSIEN, H. BILGIC, M.J. SCANLON, N.R. TODT, T.J. CLOSE, A. DRUKA, R. WAUGH, B. STEURNAGEL, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, N. STEIN, G.J. MUEHLBAUER & L. ROSSINI: The barley *Unicume4* gene encodes a BLADE-ON-PETIOLE-like protein that controls tillering and leaf patterning. Plant Physiol. 168 (2015) 164-174.

UI, H., M. SAMERI, M. POURKHEIRANDISH, M.C. CHANG, H. SHIMADA, N. STEIN, T. KOMATSUDA & H. HANDA: High-resolution genetic mapping and physical map construction for the fertility restorer *Rtm1* locus in barley. Theor. Appl. Genet. 128 (2015) 283-290.

VU, G.T.H., T. SCHMUTZER, F. BULL, H.X. CAO, J. FUCHS, D.T. TRAN, G. JOVTCHEV, K. PISTRICK, N. STEIN, A. PECINKA, P. NEUMANN, P. NOVÁK, J. MACAS, P.H. DEAR, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT: Comparative genome analysis reveals divergent genome size evolution in a carnivorous plant genus. Plant Genome 8 (2015) 1-14.

WENDLER, N., M. MASCHER, A. HIMMELBACH, P. JOHNSTON, R. PICKERING & N. STEIN: *Bulbosum* to go: a toolbox to utilise *Hordeum vulgare*/ *bulbosum* introgressions for breeding and beyond. Mol. Plant 8 (2015) 1507-1519.

ZAKHRABEKOVA, S., C. DOCKTER, K. AHMANN, I. BRAUMANN, S.P. GOUGH, T. WENDT, U. LUNDQVIST, M. MASCHER, N. STEIN & M. HANSSON: Genetic linkage facilitates cloning of *Ert-m* regulating plant architecture in barley and identified a strong candidate of *Ant1* involved in anthocyanin biosynthesis. Plant Mol. Biol. 88 (2015) 609-626.

ZANG, W., P.E. ECKSTEIN, M. COLIN, D. VOTH, A. HIMMELBACH, S. BEIER, N. STEIN, G.J. SCOLES & A.D. BEATTIE: Fine mapping and identification of a candidate gene for the barley *Un8* true loose smut resistance gene. Theor. Appl. Genet. 128 (2015) 1343-1357.

Articles in Compilations

2014

GILS, M., N. SREENIVASULU & A. GRANER: Molecular breeding for malting quality. In: SHEWRY, P.R. & S. ULLRICH (Eds.): Barley: chemistry and technology, 2nd ed. St. Paul, Minnesota: AACCI International Inc. (2014) 293-310.

KILIAN, B. & K. HAMMER: Elisabeth Schiemann und die Kulturpflanzenforschung, unter besonderer Berücksichtigung der Getreidephylogenie. In: NÜRNBERG, R., E. HÖXTERMANN & M. VOIGT (Eds.): Elisabeth Schiemann 1881-1972, vom Aufbruch der Genetik und der Frauen in den Umbrüchen des 20. Jahrhunderts. (Series: Biologiehistorische Symposien) Rangsdorf: Basilliken-Press (2014) 236-261.

STEIN, N.: Development of sequence resources. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 271-285.

STEIN, N. & B. STEURNAGEL: Advances in sequencing the barley genome. In: TUBEROSA, R., A. GRANER & E. FRISON (Eds.): Genomics of plant genetic resources. Vol. 1. Managing, sequencing and mining genetic resources. Dordrecht [u.a.]: Springer (2014) 391-403.

2015

SRETENOVIC RAJICIC, T., T. LÜBERSTEDT, L. BACH JENSEN, U. SCHOLZ, E. WEBER, A. GRANER & K.J. DEHMER: Single nucleotide polymorphism (SNP) markers for allele quantification in *Lolium* (Poaceae): development and first applications. In: BUDAK, H. & G. SPANGENBERG (Eds.): The Proceedings of the 8th International Symposium on the Molecular Breeding of Forage and Turf. Springer (2015) 143-163.

Additional Publications 2013

MITTERBAUER, E., J. BENDER, M. ERBS, M. ENDERS, A. HABEKUSS, B. KILIAN, F. ORDON & H.J. WEIGEL: Anpassung der Pflanzenproduktion an den

Klimawandel: Untersuchung der Reaktion verschiedener Gerstengenotypen auf zukünftige atmosphärische CO₂-Konzentrationen als Grundlage zur züchterischen Optimierung des CO₂-Düngeeffektes. In: KLIFF-Tagung - Vom globalen Klimawandel zu regionalen Anpassungsstrategien. Göttingen, Deutschland. (2013) 104-105.

MITTERBAUER, E., F. ORDON, A. HABEKUSS, M. ERBS, M. ENDERS, B. KILIAN, H.J. WEIGEL, A. GIESEMANN & J. BENDER: Analyses of the responses of different barley genotypes to future CO₂ concentrations in order to optimise the CO₂ fertilisation effect through plant breeding. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICHS (Ed.): Resistenz gegen biotischen Stress in der Pflanzenzüchtung: Resistenz gegen abiotischen Stress in der Pflanzenzüchtung, 63. Tagung, 19.-21. November 2012. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 63) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2013) 65-68.

Monographs

2014

SCHULTE-COERNE, H., L. DEMPFFLE, E.M. ENGELS, J. ENGELS, P.H. FEINDT, B. GEROWITT, A. GRANER, U. HAMM, A. HEISSENHUBER, V. WOLTERS, S. SCHRÖDER & WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT FÜR BIODIVERSITÄT UND GENETISCHE RESSOURCEN BEIM BMELV: Perspektiven der staatlichen Förderung bedrohter Nutztierassen. Stellungnahme des Wissenschaftlichen Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Bonn: (2014) 12 pp.

2015

FEINDT, P.H., V. WOLTERS, G. BACKES, E. BAHRS, L. DEMPFFLE, E.M. ENGELS, J. ENGELS, A. GRANER, U. HAMM, M. HERDEGEN, J. ISSELSTEIN, M. KONNERT,

S. SCHRÖDER, H. SCHULTE-COERNE, S. WAGNER, F. WÄTZOLD, H. WEDEKIND & WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT FÜR BIODIVERSITÄT UND GENETISCHE RESSOURCEN BEIM BMELV: Gründung der Deutschen Genbank landwirtschaftlicher Nutztiere. Kurzstellungnahme des Wissenschaftlichen Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Bonn: (2015) 10 pp.

Additional Publication 2013

GEROWITT, B., S. SCHRÖDER, L. DEMPFFLE, E.-M. ENGELS, J. ENGELS, P.H. FEINDT, A. GRANER, U. HAMM, A. HEISSENHUBER, H. SCHULTE-COERNE, V. WOLTERS & WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT FÜR BIODIVERSITÄT UND GENETISCHE RESSOURCEN BEIM BMELV: Biodiversität im Grünland – unverzichtbar für Landwirtschaft und Gesellschaft. Stellungnahme des Wissenschaftlichen Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz. Bonn: (2013) 20 pp.

Editorships

2014

KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin Heidelberg: Springer (2014) 433 pp.

TUBEROSA, R., A. GRANER & E. FRISON (Eds.): Genomics of plant genetic resources. Vol. 1. Managing, sequencing and mining genetic resources. Dordrecht [u.a.]: Springer (2014) 710 pp.

TUBEROSA, R., A. GRANER & E. FRISON (Eds.): Genomics of plant genetic resources. Vol. 2: Crop productivity, food security and nutritional quality. Dordrecht [u.a.]: Springer (2014) 515 pp.

Other Papers

2014

BORGMANN, P. & R. SCHNEE: Genbanken - Bewahrung der Vielfalt pflanzlichen Lebens. Biol. in der Schule 63 (2014) 4-7.

STEIN, N.: Erfolgstory: Gerste Genomsequenzierung. GFP Geschäftsbericht (2014) 17-18.

Theses

2014

REMBE, M.: Untersuchungen zur Nutzbarkeit von 'Genotyping by Sequencing' (GBS) für Assoziationsanalysen bei der Gerste. (Bachelor Thesis) Universität Leipzig, Fakultät für Biowissenschaften, Pharmazie und Psychologie, Leipzig (2014) 43 pp.

YANG, P.: Map-based coning of susceptibility factors for Bymovirus in barley (*H. vulgare* L.). (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 92 pp.

2015

LI, M.: Map-based cloning of the gene *albostrians* in barley (*Hordeum vulgare* L.). (PhD Thesis) Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Berlin (2015) 129 pp.

Patents

2014

STEIN, N., P. YANG, P. LÜPKEN & F. ORDON: New isolated nucleic acid comprising specified nucleotide sequences, useful in a gene marker i.e. useful for the selection and/or isolation of a barley plant having a resistance against yellow mosaic virus. (Patent), Veröffentlichung: 21.08.2014, IPK-Nr. 2012/14. DE102013101617 (2014).

Research Group Genebank Documentation

Peer Reviewed Papers

2014

ESCH, M., J. CHEN, S. WEISE, K. HASSANI-PAK, U. SCHOLZ & M. LANGE: A query suggestion workflow for life science IR-systems. J. Integr. Bioinform. 11 (2014) 237.

KEILWAGEN, J., B. KILIAN, H. ÖZKAN, S. BABBEN, D. PEROVIC, K.F. MAYER, A. WALTHER, C.H. POSKAR, F. ORDON, K. EVERSOLE, A. BÖRNER, M. GANAL, H. KNÜPFER, A. GRANER & S. FRIEDEL: Separating the wheat from the chaff - a strategy to utilise plant genetic resources from *exsitu* genebanks. Sci. Rep. 4 (2014) 5231.

KILIAN, B., H. KNÜPFER & K. HAMMER: Elisabeth Schiemann (1881-1972) - a pioneer of crop plant research, with special reference to cereal phylogeny. Genet. Resour. Crop Evol. 61 (2014) 89-106.

2015

BADAIEVA, E.D., J. KEILWAGEN, H. KNÜPFER, L. WASSERMANN, O.S. DEDKOVA, O.P. MITROFANOVA, O.N. KOVALEVA, O.A. LIAPUNOVA, V.A. PUKHALSKIY, H. ÖZKAN, A. GRANER, G. WILLCOX & B. KILIAN: Chromosomal passports provide new insights into diffusion of emmer wheat. PLoS One 10 (2015) e0128556.

KRAJEWSKI, P., D. CHEN, H. ĆWIEK, A.D.J. VAN DIJK, F. FIORANI, P. KERSEY, C. KLUKAS, M. LANGE, A. MARKIEWICZ, J.P. NAP, J. VAN OEVEREN, C. POMMIER, U. SCHOLZ, M. VAN SCHRIEK, B. USADEL & S. WEISE: Towards recommendations for metadata and data handling in plant phenotyping. J. Exp. Bot. 66 (2015) 5417-5427.

OPPERMANN, M., S. WEISE, C. DITTMANN & H. KNÜPFER: GBIS: the information system of the German Genebank. Database 2015 (2015) bav021.

SCHMUTZER, T., B. SAMANS, E. DYRSZKA, C. ULPINNIS, D. STENGEL, S. WEISE, C. COLMSEE, D. LE SPINASSE, Z. MICIC, S. ABEL,

P. DUCHSCHERER, F. BREUER, A. ABBADI, G. LECKBAND, R. SNOWDON & U. SCHOLZ: Species-wide genome sequence and nucleotide polymorphisms from the model allopolyploid plant *Brassica napus*. Scientific Data 2 (2015) 150072.

SCHREIBER, F., G.D. BADER, M. GOLEBIEWSKI, M. HUCKA, B. KORMEIER, N. LE NOVÈRE, C. MYERS, D. NICKERSON, B. SOMMER, D. WALTEMATH & S. WEISE: Specifications of standards in systems and synthetic biology. J. Integr. Bioinform. 12 (2015) 258.

Articles in Compilations

2014

AREND, D., C. COLMSEE, H. KNÜPFER, M. OPPERMANN, U. SCHOLZ, D. SCHÜLER, S. WEISE & M. LANGE: Data management experiences and best practices from the perspective of a plant research institute. In: GALHARDAS, H. & E. RAHM (Eds.): Data integration in the life sciences: 10th international conference, DILS 2014, Lisbon, Portugal, 17-18 July 2014; proceedings (Series: Lecture Notes in Computer Science, Vol. 8574) Berlin [u.a.]: Springer (2014) 41-49.

2015

HAMMER, K. & H. KNÜPFER: Genetic resources of *Triticum*. In: OGIHARA, Y., S. TAKUMI & H. HANADA (Eds.): Advances in wheat genetics: from genome to field: proceedings of the 12th International Wheat Genetics Symposium. Japan: Springer (2015) 23-32.

Other Papers

2015

KNÜPFER, H., N. ZENCIRCI, H. YILMAZ, N. GARAYBAYOVA, A. KARAGÖZ, B. KILIAN, H. ÖZKAN & K. HAMMER: Mirza Gökgöl - A pioneer of wheat genetic resources from Turkey. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Sözlüğü (Azerbaijan National Academy of Sciences Genetic Resources Institute Scientific Works) 5 (2015) 227-231.

WEISE, S., A. İBRALIU & KNÜPFER H. (COMPILERS): Report of the EURISCO Training Workshop 2015. National Focal Points Regional Training Workshop for Southeast Europe, 19-21 May 2015, Tirana, Albania. European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources, Rome, Italy <http://www.ecpgr.cgiar.org/resources/publications/publication/report-of-the-eurisco-training-workshop-2015-2015/>. (2015) 27 pp.

Theses

2015

KYWAN, K.: Analyzing gene centres with the help of the checklist method - the case of Syria. (PhD Thesis) Universität Kassel, Fachbereich 11 Ökologische Agrarwissenschaften, Institut für Nutzpflanzenkunde, Wittenhausen (2015) 146 (+ IX Anhang) pp.

Research Group Resources Genetics and Reproduction

Peer Reviewed Papers

2014

AGACKA, M., D. LASKOWSKA, T. DOROSZEWSKA, F.R. HAY & A. BÖRNER: Longevity of *Nicotiana* seeds conserved at low temperatures in *exsitu* genebanks. Seed Sci. Technol. 42 (2014) 355-362.

CHESNOKOV, Y., E.A. GONCHAROVA, M.N. SITNIKOV, N.V. KOCHERINA, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Mapping QTL for water regime in spring bread wheat. Russ. J. Plant Physiol. 61 (2014) 834-841.

DANIEL, I.O., O.W. ADABALE, K.A. ADEBOYE, E.S. ALADELE, O.T. ODUOYE, J.A. ADETUMBI & A. BOERNER: Evaluation of genetic integrity of tomato seeds during ageing by microsatellite markers. Nig. J. Genet. 28 (2014) 29-33.

KEILWAGEN, J., B. KILIAN, H. ÖZKAN, S. BABBEN, D. PEROVIC, K.F. MAYER, A. WALTHER, C.H. POSKAR, F. ORDON, K. EVERSOLE, A. BÖRNER, M. GANAL, H. KNÜPFER, A. GRANER & S. FRIEDEL: Separating the wheat from the

chaff - a strategy to utilise plant genetic resources from *ex situ* genebanks. *Sci. Rep.* 4 (2014) 5231.

KOCHEVA, K., V. NENOVA, T. KARCEVA, P. PETROV, G.I. GEORGIEV, A. BÖRNER & S. LANDJEVA: Changes in water status, membrane stability and antioxidant capacity of wheat seedlings carrying different *Rht-B1* dwarfing alleles under drought stress. *J. Agron. Crop Sci.* 200 (2014) 83-91.

NAGEL, M., S. NAVAKODE, V. SCHEIBAL, M. BAUM, M. NACHIT, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: The genetic basis of durum wheat germination and seedling growth under osmotic stress. *Biol. Plant.* 58 (2014) 681-688.

NAVAKODE, S., K. NEUMANN, B. KOBILJSKI, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Genome wide association mapping to identify aluminium tolerance loci in bread wheat. *Euphytica* 198 (2014) 401-411.

NENOVA, V., K. KOCHEVA, P. PETROV, G.I. GEORGIEV, T. KARCEVA, A. BÖRNER & S. LANDJEVA: Wheat *Rht-B1* dwarfs exhibit better photosynthetic response to water deficit at seedling stage compared to the wild type. *J. Agron. Crop Sci.* 200 (2014) 434-443.

TOCHO, E., U. LOHWASSER, A. BÖRNER & A. CASTRO: Mapping and candidate gene identification of loci induced by phytohormones in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Euphytica* 195 (2014) 397-407.

WITZEL, K., A. MATROS, M. STRICKERT, S. KASPAR, M. PEUKERT, K.H. MÜHLING, A. BÖRNER & H.P. MOCK: Proteomic analysis reveals early modulation of terpenoid and phytohormone metabolism in salt tolerant barley. *Mol. Plant* 7 (2014) 336-355.

2015

ABDEL-GHANI, A.H., K. NEUMANN, C. WABILA, R. SHARMA, S. DHANAGOND, S.J. OWAIS, A. BÖRNER, A. GRANER & B. KILIAN: Diversity of germination and seedling traits in a spring barley (*Hordeum vulgare* L.) collection under drought simulated conditions. *Genet.*

Resour. Crop Evol. 62 (2015) 275-292.

AGACKA-MOLDOCH, M., M. NAGEL, T. DOROSZEWSKA, R.S. LEWIS & A. BÖRNER: Mapping quantitative trait loci determining seed longevity in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *Euphytica* 202 (2015) 479-486.

GRANICA, S., U. LOHWASSER, K. JÖHRER & C. ZIDORN: Qualitative and quantitative analyses of secondary metabolites in aerial and subaerial of *Scorzonera hispanica* L. (black salify). *Food Chem.* 173 (2015) 321-331.

MOSTEK, A., A. BÖRNER, A. BADO-WIEC & S. WEIDNER: Alterations in root proteome of salt-sensitive and tolerant barley lines under salt stress conditions. *J. Plant Physiol.* 174 (2015) 166-176.

NAGEL, M., I. KRANNER, K. NEUMANN, H. ROLLETSCHKE, C.E. SEAL, L. COLVILLE, B. FERNÁNDEZ-MARIN & A. BÖRNER: Genome-wide association mapping and biochemical markers reveal that seed ageing and longevity are intricately affected by genetic background, developmental and environmental conditions in barley. *Plant Cell Environ.* 38 (2015) 1011-1022.

POURSAREBANI, N., T. SEIDENSTICKER, R. KOPPOLU, C. TRAUTEWIG, P. GAWROŃSKI, F. BINI, G. GOVIND, T. RUTTEN, S. SAKUMA, A. TAGIRI, G.M. WOLDE, H.M. YOUSSEF, A. BATTAL, S. CIANAMEA, T. FUSCA, T. NUSSBAUMER, C. POZZI, A. BÖRNER, U. LUNDQVIST, T. KOMATSUDA, S. SALVI, R. TUBEROSA, C. UAUY, N. SREENIVASULU, L. ROSSINI & T. SCHNURBUSCH: The genetic basis of composite spike form in barley and *Miracle-Wheat*. *Genetics* 201 (2015) 155-165.

PSHENICHNIKOVA, T.A., E.K. KHLESTKINA, S. LANDJEVA, A.V. DOROSHKOV, T. KARTSEVA, A. BÖRNER, A.V. SIMONOV, L.V. SHCHUKINA & E.V. MOROZOVA: Genetic dissection of earliness by analysis of a recombinant chromosome substitution double haploid mapping population of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in different geographic regions. *Euphytica* 206 (2015) 191-202.

ROLLETSCHKE, H., J. FUCHS, S. FRIEDEL, A. BÖRNER, H. TODT, P. JAKOB & L. BORISJUK: A novel noninvasive procedure for high-throughput screening of major seed traits. *Plant Biotechnol. J.* 13 (2015) 188-199.

RYBIŃSKI, W., M. BAŃDA, J. BOCIANOWSKI, A. BÖRNER, M. STARZYCKI & B. SZOT: Estimation of mechanical properties of seeds of common vetch accessions (*Vicia sativa* L.) and their chemical composition. *Genet. Resour. Crop Evol.* 62 (2015) 361-375.

SALEM, K.F.M., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Assessing genetic diversity of Egyptian hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) using microsatellite markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 62 (2015) 377-385.

SHCHERBAN, A.B., A. BÖRNER & E.A. SALINA: Effect of *VRN-1* and *PPD-D1* genes on heading time in European bread wheat cultivars. *Plant Breed.* 134 (2015) 49-55.

SHOEVA, O.Y., T.V. KUKOEVA, A. BÖRNER & E.K. KHLESTKINA: Barley *Ant1* is a homolog of maize *C1* and its product is part of the regulatory machinery governing anthocyanin synthesis in the leaf sheath. *Plant Breed.* 134 (2015) 400-405.

SIMÓN, M.R., F.M. AYALA, M.V. MORENO, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Mapping QTL for resistance against *Pyrenophora tritici-repentis* in wheat. *Cer. Res. Commun.* 43 (2015) 649-660.

TIKHENKO, N., T. RUTTEN, N. TSVETKOVA, A. VOYLOKOV & A. BÖRNER: Hybrid dwarfness in crosses between wheat (*Triticum aestivum* L.) and rye (*Secale cereale* L.): a new look at an old phenomenon. *Plant Biol.* 17 (2015) 320-326.

TIKHENKO, N.D., N.V. TSVETKOVA, A.N. LYHOLAY & A.V. VOYLOKOV: Identification of complementary genes of hybrid lethality in crosses of bread wheat and rye. Results and perspectives. (in Russian). *Ecological genetics XIII* (2015) 62-69.

Additional Publication 2013

CHESNOKOV, Y.V., N.V. POCHEPNYA, L.V. KOZLENKO, M.N. SITNIKOV,

O.P. MITROFANOVA, V.V. SYUKOV, D.V. KOCHETKOV, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Mapping of QTLs determining the expression of agronomically and economically valuable features in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) grown in environmentally different Russian regions. *Russ. J. Genet. Appl. Res.* 3 (2013) 209-221.

DANIEL, I.O., M. KRUSE, G. MÜLLER, E.S. ALADELE, M.B. SARUMI, W.T. ODOFIN & A. BÖRNER: A spreadsheet application for predicting seed longevity in gene bank storage. *Nig. J. Genetics* 27 (2013) 141-150.

Articles in Compilations

2014

BÖRNER, A., S. LANDJEVA, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, M. ALLAM, M. AGACKA, T. DOROSZEWSKA & U. LOHWASSER: Plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) - maintenance and research. In: Conference 'Plant Physiology and Genetics - Achievements and Challenges', 24-26 September 2014, Sofia, Bulgaria. (Series: Genetics and Plant Physiology, Vol. 4, No. 1-2, Special Issue, Part 1) Sofia: Institute of Plant Physiology and Genetics Bulgarian Academy of Sciences (2014) 13-21.

CHESNOKOV, Y., V. SYUKOV, N. KOCHERINA, E. GONCHAROVA, A. SCHUMLYANSKAYA, M. SITNIKOV, O. MITROFANOVA, B. GALINA, T. GALINA, M. GALINA, U. LOHWASSER & A. BÖRNER: Ecological and molecular-genetic QTLs mapping of agronomically valuable traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) in different geographical regions and controlled conditions in Russia. In: 5th International Conference 'Genetics, Physiology and Plant Breeding', Chisinau, Moldova, 23-24 October 2014, proceedings. Academy of Sciences of Moldova (2014) 52-56.

KHLESTKINA, E.K., O. SHOEVA, A. BÖRNER & E.I. GORDEEVA: Purple grain colour genes in wheat. In: PORCEDDU, E., A.B. DAMANIA & C.O. QUALSET (Eds.): Proceedings of the International Symposium on Genetics and Breeding of Durum Wheat. (Series A: Mediterranean

- Seminars, Options méditerranéennes, N° 110) IAM Bari: CIHEAM (Centre International de Hautes Etudes Agronomiques Méditerranéennes): (2014) 533-539.
- LANDJEVA, S., A. BÖRNER, S. PSHENICHNIKOVA, E.K. KHELESTKINA, T. KARTSEVA & U. LOHWASSER: The genetic approach to physiological studies in bread wheat. In: Conference 'Plant Physiology and Genetics - Achievements and Challenges', 24-26 September 2014, Sofia, Bulgaria. (Series: Genetics and Plant Physiology, Vol. 4, No. 1-2, Special Issue, Part 1) Sofia: Institute of Plant Physiology and Genetics Bulgarian Academy of Sciences (2014) 68-79.
- SATO, K., A.J. FLAVELL, J. RUSSELL, A. BÖRNER & J. VALKOUN: Genetic diversity and germplasm management - wild barley, landraces, breeding materials. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 21-36.
- 2015**
- BÖRNER, A., F.C. OGBONNAYA, M.S. RÖDER, A. RASHEED, S. PERIYANNAN & E.S. LAGUDAH: *Aegilops tauschii* introgressions in wheat. In: MOLNÁR-LÁNG, M., C. CEOLONI & J. DOLEŽEL (Eds.): Alien introgression in wheat: cytogenetics, molecular biology, and genomics. Switzerland: Springer International Publishing (2015) 245-272.
- BÖRNER, A., M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, M. ALLAM, M. AGACKA-MOLDOCH & U. LOHWASSER: Seed banking - State of the art. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICH (Ed.): Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.-26. November 2014. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 1.
- LOHWASSER, U., M.A. REHMAN ARIF & A. BÖRNER: Association mapping versus QTL analysis - Using plant genetic resources for discovery loci determining pre-harvest sprouting and dormancy in wheat and barley. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICH (Ed.): Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.-26. November 2014. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 45-46.
- NAGEL, M., K. KOZINNA & A. BÖRNER: Chickpea seed maintenance in Germany - germination of *kabuli* and *desi* chickpea after cold and ambient storage. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICH (Ed.): Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.-26. November 2014. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 5-7.
- NAGEL, M., I. KRANNER, S.P.C. GROOT, J. KODDE & A. BÖRNER: *Ex situ* conservation of barley germplasm - Genetic and biochemical markers reveal mechanism of seed deterioration. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICH (Ed.): Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.-26. November 2014. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 3.
- PSHENICHNIKOVA, T.A., A.V. SIMONOV, L.V. SHCHUKINA, E.V. MOROZOVA, A.K. CHISTYAKOVA & A. BÖRNER: Enlargement of the genetic diversity for grain quality in bread wheat through alien introgression. In: OGIHARA, Y., S. TAKUMI & H. HANDA (Eds.): Advances in wheat genetics: from genome to field: proceedings of the 12th International Wheat Genetics Symposium. Japan: Springer (2015) 287-292.
- TROGNITZ, F., K. PILLER, M. NAGEL, A. BÖRNER, C.-F. BACHER, M. RECHLIK, H. MAYRHOFFER & A. SESSITSCH: Isolation and characterisation of endophytes isolated from seeds of different plants and the application to increase juvenile development. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICH (Ed.): Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.-26. November 2014. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 25-28.
- Editorships**
- 2014**
- CHESNOKOV, Y.V. & A. BÖRNER (Eds.): Catalogue of recombinant inbred lines of mapping population ITMI of soft spring wheat *Triticum aestivum* L. (ecological and geographical trials and QTL mapping). English edition. IPK Gatersleben - VIR St.-Petersburg (2014) 72 pp.
- LOHWASSER, U. & A. BÖRNER (Eds.): Cereals for food, feed and fuel - Challenge for global improvement. Book of abstracts. Eucarpia Cereals Section - ITMI Joint Conference, Wernigerode, Germany (2014) 359 pp.
- 2015**
- LOHWASSER, U. & A. BÖRNER (Eds.): Seeds for future generations - Determinants of longevity. Book of abstracts. International Society for Seed Science (ISSS), Seed Longevity Workshop, Wernigerode, Germany, 05-08 July 2015. Wernigerode: (2015) 146 pp.
- Other Papers**
- 2014**
- BÖRNER, A., F. ARANA-CEBALLOS, A. BAKHSH, Y.V. CHESNOKOV, A.M. CASTRO, G. GERARD, E.I. GORDEEVA, C. JAENICKE, T. KARTSEVA, E.K. KHELESTKINA, S. LANDJEVA, J. LING, U. LOHWASSER, V. MOROZOVA, M. NAGEL, S. NAVAKODE, S.V. OSIPOVA, A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA, M.A. REHMAN ARIF, M.S. RÖDER, A. SANABRIA, A. SHISHPARENOK, L.V. SHCHUKINA, M.R. SIMON, A.V. SIMONOV, O.G. SMIRNOVA, M. TAYLOR, C. VOLKMAR, K. ZAYNALI NEZHAD & C. ZANKE: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 60 (2014) 10-17.
- GAAFAR, N., T. KRETZSCHMAR, U. LOHWASSER, C. VOLKMAR & A. BÖRNER: Screening spring wheat genotypes for resistance against orange and yellow wheat blossom midges. Mitt. Dtsch. Ges. Allg. Angew. Ent. 19 (2014) 231-236.
- MARTHE, F., J. KITTLER, U. KÄSTNER, D. ULRICH, A. KRÄHMER, H. KRÜGER, E. PALADEY, W.D. BLÜTHNER, U. LOHWASSER & W. JUNGHANS: Demonstrationsprojekt Arzneipflanzen: Entwicklung von Hochleistungslinien bei Zitronenmelisse (*Melissa officinalis*). Gülzower Fachgespräche 48 (2014) 154-172.
- RICHTER, M., F. FLEISCHER, M. MÄNNEL, F. FUCHS, U. LOHWASSER, A. BÖRNER & C. VOLKMAR: Untersuchung eines Weizensortimentes auf die Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici* und *Sitodiplosis mosellana* sowie Getreide-Thysanopteren. Mitt. Dtsch. Ges. Allg. Angew. Ent. 19 (2014) 113-116.
- SCHMIDT, U., M. TAYLOR, A. BÖRNER, U. LOHWASSER & C. VOLKMAR: Observations on *Haplodiplosis marginata* (von Roser 1840) (Diptera: Cecidomyiidae) in a winter wheat collection in the region *Ilseeder Börde* in 2012. Mitt. Dtsch. Ges. Allg. Angew. Ent. 19 (2014) 255-258.
- 2015**
- BÖRNER, A., M. AGACKA-MOLDOCH, F. ARANA-CEBALLOS, A.M. CASTRO, P. CHAMURLIJSKI, Y.V. CHESNOKOV, C. CLEMENZ, G. GERARD, E.K. KHELESTKINA, V. KOUTEV, T.V. KUKOEVA, S. LANDJEVA, J. LING, U. LOHWASSER, G. LORI, I. MALBRÁN, M. NAGEL, C.O. QUALSET, D. PALEJEV, M.A. REHMAN ARIF, R. RODEVA, M.S. RÖDER, A. SAN-

ABRIA, O.Y. SHOEVA, M.R. SIMON, C. VOLKMAR, K. ZAYNALI NEZHAD & C.D. ZANKE: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 61 (2015) 8-13

Theses

2014

ALTWIG, T.: *Triticum aestivum-Aegilops tauschii* Introgressionslinien – Das mögliche Potential verwandter Wildpflanzenarten für die Verbesserung der Trockenstress-Toleranz in Kulturpflanzen. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 106 pp.

FLEISCHER, F.: Prüfung von Winterweizen-Genotypen auf Anfälligkeit gegenüber Weizen-gallmücken (zweijähriger Freilandversuch). (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 132 pp.

GEISSNER, C.: Untersuchung eines Weizensortiments – Boris 96 – auf die Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici* und *Sitodiplosis mosellana* am Standort Rosenthal 2012. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 39 pp.

KOZINNA, K.P.: Einfluss verschiedener Behandlungsmethoden zur Verbesserung der Keimfähigkeit von Kichererbsen aus der Kollektion der Genbank des IPK Gatersleben. (Bachelor Thesis) Hochschule Geisenheim, Studiengang Gartenbau, Geisenheim (2014) 54 pp.

OERTEL, A.: Prüfung von Sommerweizenherkünften auf ihre Anfälligkeit gegenüber Thysanopteren und der Fritfliege *Oscinella frit* (L.) am Standort Gatersleben. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwis-

senschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 112 pp.

RICHTER, J.: Prüfung eines Sommerweizensortiments auf Resistenz gegenüber Fritfliegen *Oscinella frit* (L.) und Blattläusen – Ergebnisse einer Assoziationsstudie. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 91 pp.

RICHTER, M.: Dreijährige Assoziationsstudie zur Anfälligkeit von Getreide-Thysanopteren im Winterweizensortiment 'Boris 96'. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 104 pp.

RIEBELING, C.: Untersuchungen zur Vererbung der Samendormanz bei Winterraps. (Bachelor Thesis) Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Agrarwissenschaften, Studienrichtung Nutzpflanzenwissenschaften, Göttingen (2014) 31 pp.

SCHUBERT, M.: Zweijährige Studie zur Anfälligkeit des Winterweizensortiments 'Boris 96' gegenüber Getreide-Thysanopteren am Standort JKI Quedlinburg. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 60 pp.

STELZER, L.: Prüfung von Winterweizensortimenten auf Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici* und *Sitodiplosis mosellana*. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 97 pp.

2015

ALLAM, M.: Molecular mapping of loci determining seed longevity in *Brassica napus*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut

für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 144 pp.

BANKERT, A.L.: Einfluss einer Saatgutbeizung auf die Keimfähigkeit von Sommerraps-Hybriden. (Bachelor Thesis) Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Agrarwissenschaften, Studienrichtung Agribusiness, Göttingen (2015) 24 pp.

CLEMENS, C.: Mehrjährige Freilandstudie im IPK Gatersleben, zur Anfälligkeit von Sommerweizenherkünften gegenüber den Schadinsekten *Contarinia tritici* (Kirby) und *Sitodiplosis mosellana* (Géhin). (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 133 pp.

FEUERHAHN, S.: Variation und Vererbung der Samendormanz in der doppelhaploiden Population aus Express x R53. (Bachelor Thesis) Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Agrarwissenschaften, Studienrichtung Nutzpflanzenwissenschaften, Göttingen (2015) 23 pp.

FUCHS, F.: Zweijährige Untersuchung des Winterweizensortimentes 'Boris 96' am Standort Peine/Rosenthal (2012/2013). (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 112 pp.

GRAEBNER, F.: Genomweite Assoziationsstudie im Winterweizensortiment 'Boris 96' zur Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici* (Kirby) und *Sitodiplosis mosellana* (Géhin) am IPK Gatersleben 2014. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 111 pp.

JUNKER, K.: Genetische Untersuchungen zur Langlebigkeit von Tomatensamen. (Bachelor Thesis) Hochschule Gei-

senheim, Studiengang Gartenbau, (2015) 35 pp.

KÖDEL, K.: Evaluierungsstudie zum Auftreten und zum Befall von *Oscinella frit* (L.) in einem Sommerweizensortiment 2015. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 68 pp.

ROTH, M.: Prüfung eines Sommerweizensortiments auf Anfälligkeit gegenüber *Oscinella frit* (L.) am Standort Quedlinburg 2014. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 57 pp.

WAGNER, R.: Prüfung des Winterweizensortiments 'Boris 96' auf Schädigung durch *Oscinella frit* (L.). (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 59 pp.

Additional Publication 2013

RETHFELDT, R.: Studie zum Auftreten von Getreideblattläusen im Winterweizensortiment 'Boris 96' am Standort Gatersleben. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2013) 59 pp.

Research Group In vitro Storage and Cryopreservation

Peer Reviewed Papers

2014

WANG, B., J.W. LI, Z.B. ZHANG, R.R. WANG, Y.L. MA, D.R. BLYSTAD, E.R.J. KELLER & Q.C. WANG: Three vitrification-based cryopreservation procedures cause different cryo-injuries to potato shoot tips while all maintain genetic integrity in regenerants. J. Biotechnol. 184C (2014) 47-55.

2015

SUBBARAYAN, K., H. ROLLETSCHKE, A. SENULA, K. ULAGAPPAN, M.-R. HAJIREZAEI & E.R.J. KELLER: Influence of oxygen deficiency and the role of specific amino acids in cryopreservation of garlic shoot tips. *BMC Biotechnol.* 15 (2015) 40.

Articles in Compilations

2014

KELLER, E.R.J., M. GRÜBE & A. SENULA: Kryokonservierung von Pflanzen, ihre Anwendung in der Bundeszentralen Kulturpflanzenbank Gatersleben. In: DEUTSCHER KÄLTE- UND KLIMATECHNISCHER VEREIN (Ed.): Deutsche Kälte-Klima-Tagung 2014: Düsseldorf, 19.–21. November; proceedings, CD-ROM. Hannover: DKV (2014) AA.1.10.

KELLER, E.R.J., A. SENULA, M. GRÜBE, K. DIEKMANN & K.J. DEHMER: Fifteen years of cryopreservation in the IPK genebank – experience, conclusions and outlook. In: REED, B.M. (Ed.): Proceedings of the 2nd International Symposium on Plant Cryopreservation: Fort Collins, Colorado, USA, 11–14 August 2013. (Series: Acta Horticulturae, Vol. 1039) Leuven: ISHS (2014) 249–263.

SENULA, A. & E.R.J. KELLER: Pollen cryopreservation to support maintenance of a wild species collection of the genus *Allium*. In: REED, B.M. (Ed.): Proceedings of the 2nd International Symposium on Plant Cryopreservation: Fort Collins, Colorado, USA, 11–14 August 2013. (Series: Acta Horticulturae, Vol. 1039) Leuven: ISHS (2014) 289–296.

Theses

2014

PATSCHIN, M.: Pflanzenregeneration nach Kryokonservierung in Abhängigkeit von Explantatqualität, Lagerdauer und Regenerationsbedingungen. (Bachelor Thesis) Hochschule Zittau/Görlitz (2014) 57 (+ 40 Anhang) pp.

Research Group Satellite Collections North

Articles in Compilations

2014

KELLER, E.R.J., A. SENULA, M. GRÜBE, K. DIEKMANN & K.J. DEHMER: Fifteen years of cryopreservation in the IPK genebank – experience, conclusions and outlook. In: REED, B.M. (Ed.): Proceedings of the 2nd International Symposium on Plant Cryopreservation: Fort Collins, Colorado, USA, 11–14 August 2013. (Series: Acta Horticulturae, Vol. 1039) Leuven: ISHS (2014) 249–263.

WILLNER, E.: Autochthones Grünland als genetisches Reservoir für die Gräserzüchtung. In: SCHRÖDER, S. & J. WIDER (Eds.): Agrobiodiversität im Grünland – nutzen und schützen: Tagungsband zum Symposium am 12.-13.11.2013 in Berlin. (Series: Agrobiodiversität, Vol. 34) Bonn: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (2014) 100–115.

WILLNER, E. & K.J. DEHMER: *Ex situ* conservation of genetic resources of forage and turf species in the IPK Genebank at Malchow. In: SOKOLOVIĆ, D., C. HUYGHE & J. RADOVIĆ (Eds.): Quantitative traits breeding for multifunctional grasslands and turf. Dordrecht [u.a.]: Springer Netherlands (2014) 33–40.

2015

DEHMER, K.J.: Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente – Aufgaben und Bedeutung. In: SCHUHMAN, P. (Ed.): Kartoffeltrends 2015: Entwicklungen, Ergebnisse, Fortschritte. (Series: Kartoffeltrends: Entwicklungen, Ergebnisse, Fortschritte, Vol. 2015) Bergen (Dumme): Agrimedia (2015) 26–29.

SRETENOVIC RAJICIC, T., T. LÜBBERSTEDT, L. BACH JENSEN, U. SCHOLZ, E. WEBER, A. GRÄNER & K.J. DEHMER: Single nucleotide polymorphism (SNP) markers for allele quantification in *Lolium* (Poaceae): development and first ap-

plications. In: BUDAK, H. & G. SPANGENBERG (Eds.): The Proceedings of the 8th International Symposium on the Molecular Breeding of Forage and Turf. Springer (2015) 143–163.

WESTERMEIER, P., E. WILLNER, A. WOSNITZA, U. FEUERSTEIN, W. LUESINK, S. SCHULZE, A. SCHUM & S. HARTMANN: Genetische Variation des Merkmals Trockentoleranz in Deutschem Weidelgras (*Lolium perenne* L.) – Evaluierung phänotypischer Selektionsmerkmale. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICH (Ed.): Zukünftiges Saatgut – Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.–26. November 2014. (Series: Tagung / Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 51–56.

Theses

2015

LIU, S.: Application of molecular markers in selected breeding material and plant genetic resources of *Lolium perenne* L. (PhD Thesis) Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Agrarwissenschaften, Göttingen (2015) 133 pp.

Research Group Experimental Taxonomy

Peer Reviewed Papers

2014

AKHAVAN, A., H. SAEIDI & R.M. FRITSCH: *Allium kuhrangense* (Amaryllidaceae) a new species of *Allium* sect. *Acanthoprason* from Iran. *Phytotaxa* 170 (2014) 213–218.

EKHVAIA, J., M. GURUSHIDZE, F.R. BLATTNER & M. AKHALKATSI: Genetic diversity of *Vitis vinifera* in Georgia: relationships between local cultivars and wild grapevine, *V. vinifera* L. subsp. *sylvestris*. *Genet. Resour. Crop Evol.* 61 (2014) 1507–1521.

HARPKE, D., L. PERUZZI, H. KERNDORFF, T. KARAMPLIANIS, T. CONSTANTINIDIS, V. RANDELOVIĆ, N. RANDELOVIĆ, M. JUŠKOVIĆ, E. PASCHE & F.R. BLATTNER: Phylogeny, geographic distribution and new taxonomic circumscription of the *Crocus reticulatus* species group (Iridaceae). *Turk. J. Bot.* 38 (2014) 1182–1198.

JAKOB, S.S., D. RÖDDER, J.O. ENGLER, S. SHAAF, H. ÖZKAN, F.R. BLATTNER & B. KILIAN: Evolutionary history of wild barley (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) analysed using multilocus sequence data and paleodistribution modeling. *Genome Biol. Evol.* 6 (2014) 685–702.

STOOF-LEICHSENRING, K.R., N. BERNHARDT, L.A. PESTRYAKOVA, L.S. EPP, U. HERZSCHUH & R. TIEDEMANN: A combined paleolimnological/genetic analysis of diatoms reveals divergent evolutionary lineages of *Staurosira* and *Staurosirella* (Bacillariophyta) in Siberian lake sediments along a latitudinal transect. *J. Paleolimnol.* 52 (2014) 77–93.

VU, G.T., H.X. CAO, K. WATANABE, G. HENSEL, F.R. BLATTNER, J. KUMLEHN & I. SCHUBERT: Repair of site-specific DNA double-strand breaks in barley occurs via diverse pathways primarily involving the sister chromatid. *Plant Cell* 26 (2014) 2156–2167.

2015

ACHIGAN-DAKO, E.G., E.S. AVOHOU, C. LINSOUSSI, A. AHANCHEDE, R.S. VODOUHE & F.R. BLATTNER: Phenetic characterisation of *Citrullus* spp. (Cucurbitaceae) and differentiation of egusi-type (*C. mucospermus*). *Genet. Resour. Crop Evol.* 62 (2015) 1159–1179.

AKHAVAN, A., H. SAEIDI, M.R. RAHIMINEJAD, S. ZARRE & F.R. BLATTNER: Interspecific relationships in *Allium* subgenus *Melanocrommyum* sections *Acanthoprason* and *Astero-prason* (Amaryllidaceae) revealed using ISSR markers. *Syst. Bot.* 40 (2015) 706–715.

BAGHERI, A., S.K. ERKUL, A.A. MAASSOUMI, M.R. RAHIMINEJAD & F.R. BLATTNER: *Astragalus trifoliatum* (Fabaceae), a revived

species for the flora of Turkey. Nordic J. Bot. 33 (2015) 532-539.

BRASSAC, J. & F.R. BLATTNER: Species level phylogeny and polyploid relationships in *Hordeum* (Poaceae) inferred by next-generation sequencing and *in-silico* cloning of multiple nuclear loci. Syst. Biol. 64 (2015) 792-808.

DIEHN, T.A., B. POMMERENIG, N. BERNHARDT, A. HARTMANN & G.P. BIENERT: Genome-wide identification of aquaporin encoding genes in *Brassica oleracea* and their phylogenetic sequence comparison to *Brassica crops* and *Arabidopsis*. Front. Plant Sci. 6 (2015) 166.

EROL, O., D. HARPKE & H. YILDIRIM: A new *Crocus* L. (Iridaceae) species from SE Turkey, based on morphological and molecular data. Phytotaxa 239 (2015) 223-232.

HARPKE, D., A. CARTA, G. TOMOVIĆ, V. RANDELOVIĆ, N. RANDELOVIĆ, F.R. BLATTNER & L. PERUZZI: Phylogeny, karyotype evolution and taxonomy of *Crocus* series *Verni* (Iridaceae). Plant Syst. Evol. 301 (2015) 309-325.

NÜRK, N.M., S. URIBE-CONVERS, B. GEHRKE, D.C. TANK & F.R. BLATTNER: Oligocene niche shift, Miocene diversification - cold tolerance and accelerated speciation rates in the St. John's Worts (*Hypericum*, Hypericaceae). BMC Evol. Biol. 15 (2015) 80.

VU, G.T.H., T. SCHMUTZER, F. BULL, H.X. CAO, J. FUCHS, D.T. TRAN, G. JOVTCHEV, K. PISTRICK, N. STEIN, A. PECINKA, P. NEUMANN, P. NOVÁK, J. MACAS, P.H. DEAR, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT: Comparative genome analysis reveals divergent genome size evolution in a carnivorous plant genus. Plant Genome 8 (2015) 1-14.

Articles in Compilations

2015

BERNHARDT, N.: Taxonomic treatments of Triticeae and the wheat genus *Triticum*. In: MOLNÁR-LÁNG, M., C. CEOLONI & J. DOLEŽEL (Eds.): Alien in-

troggression in wheat: cytogenetics, molecular biology, and genomics. Switzerland: Springer International Publishing (2015) 1-19.

Other Papers

2014

JÄGER, E.J., F. EBEL, R. FRITSCH, P. HANELT & K. PISTRICK: Kommentare, Korrekturen und Nachträge zum 5. Band (Krautige Zier- und Nutzpflanzen) der Rothmaler-Exkursionsflora. Schlechtendalia 27 (2014) 41-60.

KERNDORFF, H., E. PASCHE & D. HARPKE: *Crocus isauricus* Siehe ex Bowles (Liliiflorae, Iridaceae) and its relatives. Stapfia 0101 (2014) 3-18.

2015

FRITSCH, R.M.: Checklist of ornamental *Allium* species and cultivars currently offered in the trade. http://www.ipk-gatersleben.de/fileadmin/content-ipk/content-ipk-institut/Downloads/2015/150312_OrnamAlliumCheckl_FritschMR.pdf 1-64 (2015).

KERNDORFF, H., E. PASCHE & D. HARPKE: The genus *Crocus* (Liliiflorae, Iridaceae): Lifestyle, morphology, phenotypic characteristics, and taxonomical relevant parameters. Stapfia 103 (2015) 27-65.

PASCHE, E., H. KERNDORFF & D. HARPKE: *Crocus lyciotaureus* Kerndorff & Pasche (Liliiflorae, Iridaceae) and its relatives. Stapfia 103 (2015) 67-80.

Theses

2015

BRASSAC, J.: Analysis of phylogenetic relationships of *Hordeum* (Poaceae) polyploids. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 136 pp.

Department of Breeding Research

Research Group Quantitative Genetics

Peer Reviewed Papers

2014

ALHEIT, K.V., L. BUSEMEYER, W. LIU, H.P. MAURER, M. GOWDA, V. HAHN, S. WEISSMANN, A. RUCKELSHAUSEN, J.C. REIF & T. WÜRSCHUM: Multiple-line cross QTL mapping for biomass yield and plant height in triticale (x Triticosecale Wittmack). Theor. Appl. Genet. 127 (2014) 251-260.

DEMIDOV, D., I. LERMONTOVA, O. WEISS, J. FUCHS, T. RUTTEN, K. KUMKE, T.F. SHARBEL, D. VAN DAMME, N. DE STORME, D. GEELLEN & A. HOUBEN: Altered expression of Aurora kinases in *Arabidopsis* results in aneu- and polyploidization. Plant J. 80 (2014) 449-461.

GOWDA, M., Y. ZHAO, T. WÜRSCHUM, C.F. LONGIN, T. MIEDANER, E. EBMEYER, R. SCHACHSCHNEIDER, E. KAZMAN, J. SCHACHT, J.P. MARTINANT, M.F. METTE & J.C. REIF: Relatedness severely impacts accuracy of marker-assisted selection for disease resistance in hybrid wheat. Heredity 112 (2014) 552-561.

KUHLMANN, M., A. FINKE, M. MASCHER & M.F. METTE: DNA methylation maintenance consolidates RNA-directed DNA methylation and transcriptional gene silencing over generations in *Arabidopsis thaliana*. Plant J. 80 (2014) 269-281.

LERMONTOVA, I., M. SANDMANN & D. DEMIDOV: Centromeres and kinetochores of Brassicaceae. Chromosome Res. 22 (2014) 135-152.

LI, Y.H., Y.L. LIU, J.C. REIF, Z.X. LIU, B. LIU, M.F. METTE, R.Z. CHANG & L.J. QIU: Biparental resequencing coupled with SNP genotyping of a segregating population offers insights into the landscape of recombination and fixed genomic regions in elite soybean. G3-Genes Genom. Genet. 4 (2014) 553-560.

LI, Y.H., J.C. REIF, S.A. JACKSON, Y.S. MA, R.Z. CHANG & L.J. QIU: Detecting SNPs underlying domestication-related traits in soybean. BMC Plant Biol. 14 (2014) 251.

LI, Y.-H., B. LIU, J.C. REIF, Y.-L. LIU, H.-H. LI, R.-Z. CHANG & L.-J. QIU: Development of insertion and deletion markers based on biparental resequencing for fine mapping seed weight in soybean. Plant Genome 7 (2014).

LIU, W., M. GOWDA, J.C. REIF, V. HAHN, A. RUCKELSHAUSEN, E.A. WEISSMANN, H.P. MAURER & T. WÜRSCHUM: Genetic dynamics underlying phenotypic development of biomass yield in triticale. BMC Genomics 15 (2014) 458.

LONGIN, C.F., X. MI, A.E. MELCHINGER, J.C. REIF & T. WÜRSCHUM: Optimum allocation of test resources and comparison of breeding strategies for hybrid wheat. Theor. Appl. Genet. 127 (2014) 2117-2126.

LONGIN, C.F.H. & J.C. REIF: Redesigning the exploitation of wheat genetic resources. Trends Plant Sci. 19 (2014) 631-636.

LONGIN, C.F.H., J.C. REIF & T. WÜRSCHUM: Long-term perspective of hybrid versus line breeding in wheat based on quantitative genetic theory. Theor. Appl. Genet. 127 (2014) 1635-1641.

MAJEROVÁ, E., T. MANDÁKOVÁ, G.T.H. VU, J. FAJUS, M.A. LYSÁK & M. FOJTOVA: Chromatin features of plant telomeric sequences at terminal versus internal positions. Front. Plant Sci. 5 (2014) 593.

MIEDANER, T., D.D. SCHWEGLER, P. WILDE & J.C. REIF: Association between line per se and testcross performance for eight agronomic and quality traits in winter rye. Theor. Appl. Genet. 127 (2014) 33-41.

MÜHLEISEN, J., H.P. PIEPHO, H.P. MAURER, C.F. LONGIN & J.C. REIF: Yield stability of hybrids versus lines in wheat, barley, and triticale. Theor. Appl. Genet. 127 (2014) 309-316.

- MÜHLEISEN, J., H.P. PIEPHO, H.P. MAURER, Y. ZHAO & J.C. REIF: Exploitation of yield stability in barley. *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 1949-1962.
- RUIZ-RODRIGUEZ, M.D., C.M. AVILA, A.M. TORRES, J. FUCHS & I. SCHUBERT: Anchoring of genetic linkage maps to the chromosome complement of *Vicia faba* L. *Mol. Breed.* 33 (2014) 743-748.
- SCHUBERT, V., I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: Loading of the centromeric histone H3 variant during meiosis-how does it differ from mitosis? *Chromosoma* 123 (2014) 491-497.
- SCHUBERT, V., R. RUDNIK & I. SCHUBERT: Chromatin associations in *Arabidopsis* interphase nuclei. *Front. Genet.* 5 (2014) 389.
- SCHWEGLER, D.D., M. GOWDA, B. SCHULZ, T. MIEDANER, W.X. LIU & J.C. REIF: Genotypic correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) for the three agronomic traits beet yield, potassium content, and sodium content. *Mol. Breed.* 34 (2014) 205-215.
- VU, G.T., H.X. CAO, K. WATANABE, G. HENSEL, F.R. BLATTNER, J. KUMLEHN & I. SCHUBERT: Repair of site-specific DNA double-strand breaks in barley occurs via diverse pathways primarily involving the sister chromatid. *Plant Cell* 26 (2014) 2156-2167.
- WANG, W., G. HABERER, H. GUNDLACH, C. GLÄSSER, T. NUSSBAUMER, M.C. LUO, A. LOMSAOZE, M. BORODOVSKY, R.A. KERSTETTER, J. SHANKLIN, D.W. BYRANT, T.C. MOCKLER, K.J. APPENROTH, J. GRIMWOOD, J. JENKINS, J. CHOW, C. CHOI, C. ADAM, X.H. CAO, J. FUCHS, I. SCHUBERT, D. ROKHSAR, J. SCHMUTZ, T.P. MICHAEL, K.F. MAYER & J.X. MESSING: The *Spirodela polyrhiza* genome reveals insights into its neotenus reduction fast growth and aquatic lifestyle. *Nat. Commun.* 5 (2014) 3311.
- WANG, Y., M.F. METTE, T. MIEDANER, M. GOTTWALD, P. WILDE, J.C. REIF & Y. ZHAO: The accuracy of prediction of genomic selection in elite hybrid rye populations surpasses the accuracy of marker-assisted selection and is equally augmented by multiple field evaluation locations and test years. *BMC Genomics* 15 (2014) 556.
- WÜRSCHUM, T., S. ABEL & Y. ZHAO: Potential of genomic selection on rapeseed (*Brassica napus* L.) breeding. *Plant Breed.* 133 (2014) 45-51.
- WÜRSCHUM, T., W. LIU, L. BUSEMEYER, M.R. TUCKER, J.C. REIF, E.A. WEISSMANN, V. HAHN, A. RUCKELSHAUSEN & H.P. MAURER: Mapping dynamic QTL for plant height in triticale. *BMC Genet.* 15 (2014) 59.
- ZHAO, Y., M.F. METTE, M. GOWDA, C.F. LONGIN & J.C. REIF: Bridging the gap between marker-assisted and genomic selection of heading time and plant height in hybrid wheat. *Heredity* 112 (2014) 638-645.
- 2015**
- BATZENSCHLAGER, M., I. LERMONTOVA, V. SCHUBERT, J. FUCHS, A. BERR, M.A. KOINI, G. HOULNÉ, E. HERZOG, T. RUTTEN, A. ALIOUA, P. FRANSZ, A.-C. SCHMIT & M.-E. CHABOUTÉ: *Arabidopsis* MZT1 homologs GIP1 and GIP2 are essential for centromere architecture. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 8656-8660.
- CAO, H.X., T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, A. PECINKA, I. SCHUBERT & G.T.H. VU: Metatranscriptome analysis reveals host-microbiome interactions in traps of carnivorous *Genlisea* species. *Front. Microbiol.* 6 (2015) 526.
- CAO, H.X., G.T. VU, W. WANG, J. MESSING & I. SCHUBERT: Chromatin organisation in duckweed interphase nuclei in relation to the nuclear DNA content. *Plant Biol.* 17 (2015) 120-124.
- HE, S., S. WANG, W. FU, X. DING & Q. ZHANG: Imputation of missing genotypes from low- to high-density SNP panel in different population designs. *Anim. Genet.* 46 (2015) 1-7.
- HE, S., Y. ZHAO, M.F. METTE, R. BOTHE, E. EBMAYER, T.F. SHARBEL, J.C. REIF & Y. JIANG: Prospects and limits of marker imputation in quantitative genetic studies in European elite wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Genomics* 16 (2015) 168.
- JIANG, Y. & J.C. REIF: Modelling epistasis in genomic selection. *Genetics* 201 (2015) 759-768.
- JIANG, Y., Y. ZHAO, B. RODEMANN, J. PLIESKE, S. KOLLERS, V. KORZUN, E. EBMAYER, O. ARGILLIER, M. HINZE, J. LING, M.S. RÖDER, M.W. GANAL, M.F. METTE & J.C. REIF: Potential and limits to unravel the genetic architecture and predict the variation of Fusarium head blight resistance in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Heredity* 114 (2015) 318-326.
- LERMONTOVA, I., M. SANDMANN, M. MASCHER, A.C. SCHMIT & M.E. CHABOUTÉ: Centromeric chromatin and its dynamics in plants. *Plant J.* 83 (2015) 4-17.
- LI, Y.H., J.C. REIF, Y.S. MA, H.L. HONG, Z.X. LIU, R.Z. CHANG & L.J. QIU: Targeted association mapping demonstrating the complex molecular genetics of fatty acid formation in soybean. *BMC Genomics* 16 (2015) 841 <http://dx.doi.org/10.1186/s12864-015-2049-4>.
- MAURER, A., V. DRABA, Y. JIANG, F. SCHNAITHMANN, R. SHARMA, E. SCHUMANN, B. KILIAN, J.C. REIF & K. PILLEN: Modelling the genetic architecture of flowering time control in barley through nested association mapping. *BMC Genomics* 16 (2015) 290.
- MIRDITA, V., S. HE, Y. ZHAO, V. KORZUN, R. BOTHE, E. EBMAYER, J.C. REIF & Y. JIANG: Potential and limits of whole genome-prediction of resistance to *Fusarium* head blight and *Septoria tritici* blotch in a vast Central European elite winter wheat population. *Theor. Appl. Genet.* 128 (2015) 2471-2481.
- MIRDITA, V., G. LIU, Y. ZHAO, T. MIEDANER, C.F. LONGIN, M. GOWDA, M.F. METTE & J.C. REIF: Genetic architecture is more complex for resistance to *Septoria tritici* blotch than to *Fusarium* head blight in Central European winter wheat. *BMC Genomics* 16 (2015) 168.
- MÜHLEISEN, J., H.P. PIEPHO, H.P. MAURER & J.C. REIF: Yield performance and stability of CMS-based triticale hybrids. *Theor. Appl. Genet.* 128 (2015) 291-301.
- TRAN, D.T., H.X. CAO, G. JOVTCHEV, P. NOVÁK, G.T.H. VU, J. MACAS, I. SCHUBERT & J. FUCHS: Chromatin organization and cytological features of carnivorous *Genlisea* species with large genome size differences. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 613.
- TRAN, T.D., H.X. CAO, G. JOVTCHEV, P. NEUMANN, P. NOVAK, M. FOJTOVA, G.T. VU, J. MACAS, J. FAJKUS, I. SCHUBERT & J. FUCHS: Centromere and telomere sequence alterations reflect the rapid genome evolution within the carnivorous plant genus *Genlisea*. *Plant J.* 84 (2015) 1087-1099.
- VAN HOECK, A., N. HOREMANS, P. MONSIEURS, H.X. CAO, H. VANDENHOVE & R. BLUST: The first draft genome of the aquatic model plant *Lemna minor* opens the route for future stress physiology research and biotechnological applications. *Biotechnol. Biofuels* 8 (2015) 188.
- VU, G.T.H., T. SCHMUTZER, F. BULL, H.X. CAO, J. FUCHS, D.T. TRAN, G. JOVTCHEV, K. PISTRICK, N. STEIN, A. PECINKA, P. NEUMANN, P. NOVÁK, J. MACAS, P.H. DEAR, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT: Comparative genome analysis reveals divergent genome size evolution in a carnivorous plant genus. *Plant Genome* 8 (2015) 1-14.
- WANG, Y., M.F. METTE, T. MIEDANER, P. WILDE, J.C. REIF & Y. ZHAO: First insights into the genotype-phenotype map of phenotypic stability in rye. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 3275-3284.
- WICKER, T., R.A. WING & I. SCHUBERT: Recurrent sequence exchange between homeologous grass chromosomes. *Plant J.* 84 (2015) 747-759.
- ZHAO, Y., Z. LI, G. LIU, Y. JIANG, H.P. MAURER, T. WÜRSCHUM, H.P. MOCK, A. MATROS, E. EBMAYER, R. SCHACHSCHNEIDER

DER, E. KAZMAN, J. SCHACHT, M. GOWDA, C.F. LONGIN & J.C. REIF: Genome-based establishment of a high-yielding heterotic pattern for hybrid wheat breeding. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 15624-15629.

ZHAO, Y., M.F. METTE & J.C. REIF: Genomic selection in hybrid breeding. *Plant Breed.* 134 (2015) 1-10.

Articles in Compilations

2014

MÜHLEISEN, J., H.P. PIEPHO, H.P. MAURER, C.F.H. LONGIN & J.C. REIF: Yield stability of hybrids versus lines in wheat, barley, and triticale. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICHS (Ed.): Mutagenese und Hochdurchsatz-Screening CORNET Projekte, 64. Tagung, 25.-26. November. (Series: Tagung/Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 64) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2014) 57-58.

SCHWEGLER, D.D., P. WILDE, V. KORZUN, J.C. REIF & T. MIEDANER: Correlation between lineper se and testcross Performance for rye: Multi-cross QTL analysis results. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICHS (Ed.): Mutagenese und Hochdurchsatz-Screening CORNET Projekte, 64. Tagung, 25.-26. November 2013. (Series: Tagung / Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Vol. 64) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2014) 59-60.

2015

LONGIN, C.F.H., J.C. REIF & T. WÜRSCHEM: Optimum breeding strategies for hybrid wheat. In: VEREINIGUNG DER PFLANZENZÜCHTER UND SAATGUTKAUFLEUTE ÖSTERREICHS (Ed.): Zukünftiges Saatgut - Produktion, Vermarktung, Nutzung und Konservierung, 65. Tagung, 24.-26. November 2014. (Series: Tagung / Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saat-

gutkaufleute Österreichs, Vol. 65) Irdning: Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein (2015) 59-60.

METTE, F.M., M. GILS, C.F.H. LONGIN & J.C. REIF: Hybrid breeding in wheat. In: OGIHARA, Y., S. TAKUMI & H. HANDA (Eds.): Advances in wheat genetics: from genome to field: proceedings of the 12th International Wheat Genetics Symposium. Japan: Springer (2015) 225-232.

Editorships

2015

LERMONTOVA, I., A.-C. SCHMIT & I. SCHUBERT (Eds.): *Front. Plant Sci., Special Research Topic Centromere and telomere biology of Plants* (2015) 6.

Other Papers

2014

REIF, J.C.: Was Hybridweizen leistet. *dlz* 12 (2014).

Theses

2014

(*This publication is based on work that has been carried out when Prof. Jochen C. Reif was at the State Plant Breeding Institute, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany)

*STRIGENS, A.: Gene mining in doubled haploid lines from European maize landraces with association mapping. (PhD Thesis) Universität Hohenheim, Fakultät Agrarwissenschaften, Stuttgart-Hohenheim (2014) 102 pp.

2015

MÜHLEISEN, J.: Differences in yield performance and yield stability between hybrids and inbred lines of wheat, barley, and triticale. (PhD Thesis, kumulativ) Universität Hohenheim, Fakultät Agrarwissenschaften, Stuttgart (2015) 36 pp.

TRAN, D.T.: Cytogenetic analyses of the genus *Genlisea*, which is characterised by striking genome plasticity. (PhD The-

sis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 92 pp.

Research Group Bioinformatics and Information Technology

Peer Reviewed Papers

2014

AHKAMI, A., U. SCHOLZ, B. STEUERNAGEL, M. STRICKERT, K.T. HANSEN, U. DRUEGE, D. REINHARDT, E. NOURI, N. VON WIRÉN, P. FRANKEN & M.R. HAJIREZAEI: Comprehensive transcriptome analysis unravels the existence of crucial genes regulating primary metabolism during adventitious root formation in *Petunia hybrida*. *PLoS One* 9 (2014) e100997.

AREND, D., M. LANGE, J. CHEN, C. COLMSEE, S. FLEMMING, D. HECHT & U. SCHOLZ: e!DAL - a framework to store, share and publish research data. *BMC Bioinformatics* 15 (2014) 214.

ARIYADASA, R., M. MASCHER, T. NUSSBAUMER, D. SCHULTE, Z. FRENKEL, N. POURSAEBANI, R. ZHOU, B. STEUERNAGEL, H. GUNDLACH, S. TAUDIEN, M. FELDER, M. PLATZER, A. HIMMELBACH, T. SCHMUTZER, P.E. HEDLEY, G.J. MUEHLBAUER, U. SCHOLZ, A. KOROL, K.F.X. MAYER, R. WAUGH, P. LANGRIDGE, A. GRANER & N. STEIN: A sequence-ready physical map of barley anchored genetically by two million SNPs. *Plant Physiol.* 164 (2014) 412-423.

BOLGER, M., B. WEISSHAAR, U. SCHOLZ, N. STEIN, B. USADEL & K.F. MAYER: Plant Genome sequencing - applications for crop improvement. *Curr. Opin. Biotechnol.* 26 (2014) 31-37.

ESCH, M., J. CHEN, S. WEISE, K. HASSANI-PAK, U. SCHOLZ & M. LANGE: A query suggestion workflow for life science IR-systems. *J. Integr. Bioinform.* 11 (2014) 237.

GAWROŃSKI, P., R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, N. POURSAEBANI, B. KILIAN, N. STEIN, B. STEUERNAGEL, G. HENSEL, J. KUMLEHN, S.K. SEHGAL, B.S. GILL, P. GOULD, A. HALL & T. SCHNUR-

BUSCH: A distorted circadian clock causes early flowering and temperature-dependent variation in spike development in the *Eps-3A^m* mutant of einkorn wheat. *Genetics* 196 (2014) 1253-1261.

KUHLMANN, M., A. FINKE, M. MASCHER & M.F. METTE: DNA methylation maintenance consolidates RNA-directed DNA methylation and transcriptional gene silencing over generations in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 80 (2014) 269-281.

KUNZE, G., C. GAILLARDIN, M. CZERNICKA, P. DURRENS, T. MARTIN, E. BÖER, T. GABALDÓN, J.A. CRUZ, E. TALLA, C. MARCK, A. GOFFEAU, V. BARBE, P. BARET, K. BARONIAN, S. BEIER, C. BLEYKASTEN, R. BODE, S. CASAREGOLA, L. DESPONS, C. FAIRHEAD, M. GIERBERG, P.P. GIERSKI, U. HÄHNEL, A. HARTMANN, D. JANKOWSKA, C. JUBIN, P. JUNG, I. LAFONTAINE, V. LEH-LOUIS, M. LEMAIRE, M. MARCET-HOUBEN, M. MASCHER, G. MOREL, G.-F. RICHARD, J. RICHEN, C. SACERDOT, A. SARKAR, G. SAVEL, J. SCHACHERER, D.J. SHERMAN, N. STEIN, M.-L. STRAUB, A. THIERRY, A. TRAUTWEIN-SCHULT, B. VACHERIE, E. WESTHOF, S. WORCH, B. DUJON, J.-L. SOUCIET, P. WINCKER, U. SCHOLZ & C. NEUVÉGLISE: The complete genome of *Blastobotrys (Arxula) adenivorans* LS3 - a yeast of biotechnological interest. *Biotechnol. Biofuels* 7 (2014) 66.

LÜPKEN, T., N. STEIN, D. PEROVIC, A. HABEKUSS, A. SERFLING, I. KRÄMER, U. HÄHNEL, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ARIYADASA, M.M. MARTIS, K.F.X. MAYER, R.E. NIKS, N.C. COLLINS, W. FRIEDT & F. ORDON: High resolution mapping of the barley *Ryd3* locus controlling tolerance to BYDV. *Mol. Breed.* 33 (2014) 477-488.

MASCHER, M., N. GERLACH, M. GAHRTZ, M. BUCHER, U. SCHOLZ & T. DRESSSELHAUS: Sequence and ionomic analysis of divergent strains of maize inbred line B73 with an altered growth phenotype. *PLoS One* 9 (2014) e96782.

MASCHER, M., M. JOST, J.E. KUON, A. HIMMELBACH, A. ASSFALG, S. BEIER, U. SCHOLZ, A. GRANER & N. STEIN: Mapping-by-se-

- quencing accelerates forward genetics in barley. *Genome Biol.* 15 (2014) R78.
- MASCHER, M. & N. STEIN: Genetic anchoring of whole-genome shotgun assemblies. *Front. Genet.* 5 (2014) 208.
- PASQUARIELLO, M., D. BARABASCHI, A. HIMMELBACH, B. STEURNAGEL, R. ARIYADASA, N. STEIN, F. GANDOLFI, E. TENEDINI, I. BERNARDIS, E. TAGLIAFICO, N. PECCHIONI & E. FRANCA: The barley *Frost resistance-H2* locus. *Funct. Integr. Genomics* 14 (2014) 85-100.
- POURSAREBANI, N., L. MA, T. SCHMUTZER, A. HOUBEN & N. STEIN: FISH mapping for physical map improvement in the large genome of barley - a case study on chromosome 2H. *Cytogenet. Genome Res.* 143 (2014) 275-279.
- SCHMUTZER, T., L. MA, N. POUR-SAREBANI, F. BULL, N. STEIN, A. HOUBEN & U. SCHOLZ: Kmas-ker - a tool for in silico prediction of single-copy FISH probes for the large-genome species *Hordeum vulgare*. *Cytogenet. Genome Res.* 142 (2014) 66-78.
- SCHWENDER, J., C. KÖNIG, M. KLAPPERTSTÜCK, N. HEINZEL, E. MUNZ, I. HEBBELMANN, J.O. HAY, P. DENOLF, S.D. BODT, H. REDESTIG, E. CAESTECKER, P.M. JAKOB, L. BORISJUK & H. ROLLETSCHKE: Transcript abundance on its own cannot be used to infer fluxes in central metabolism. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 668.
- THE INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (IWGSC; IPK AUTHORS: MASCHER, M., SCHOLZ, U. & STEIN, N.): A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science* 345 (2014) 1251788.
- WENDLER, N., M. MASCHER, C. NÖH, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN: Unlocking the secondary gene-pool of barley with next-generation sequencing. *Plant Biotechnol. J.* 12 (2014) 1122-1131.
- YANG, P., T. LÜPKEN, A. HABEKUSS, G. HENSEL, B. STEURNAGEL, B. KILIAN, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, J. KUMLEHN, U. SCHOLZ, F. ORDON & N. STEIN: *PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE LIKE 5-1* is a susceptibility factor to plant viruses. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111 (2014) 2104-2109.
- ZANKE, C., J. LING, J. PLIESKE, S. KOLLERS, E. EBMAYER, V. KORZUN, O. ARGILLIER, G. STIEWE, M. HINZE, S. BEIER, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Genetic architecture of main effect QTL for heading date in European winter wheat. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 217.
- 2015**
- ALIYEVA-SCHNORR, L., S. BEIER, M. KARAFIÁTOVÁ, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, J. DOLEŽEL, N. STEIN & A. HOUBEN: Cytogenetic mapping with centromeric BAC contigs shows that this recombination-poor region comprises more than half of barley chromosome 3H. *Plant J.* 84 (2015) 385-394.
- CAO, H.X., T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, A. PECINKA, I. SCHUBERT & G.T.H. VU: Metatranscriptome analysis reveals host-microbiome interactions in traps of carnivorous *Genlisea* species. *Front. Microbiol.* 6 (2015) 526.
- CHAPMAN, J.A., M. MASCHER, A. BULUÇ, K. BARRY, E. GEORGANAS, A. SESSION, V. STRNADOVA, J. JENKINS, S. SEGHAL, L. OLIVER, J. SCHMUTZ, K.A. YELICK, U. SCHOLZ, R. WAUGH, J.A. POLAND, G.J. MUEHLBAUER, N. STEIN & D.S. ROKHSAR: A whole-genome shotgun approach for assembling and anchoring the hexaploid bread wheat genome. *Genome Biol.* 16 (2015) 26.
- COLMSEE, C., S. BEIER, A. HIMMELBACH, T. SCHMUTZER, N. STEIN, U. SCHOLZ & M. MASCHER: BARLEX - the barley draft genome explorer. *Mol. Plant* 8 (2015) 964-966.
- ESCH, M., J. CHEN, C. COLMSEE, M. KLAPPERSTÜCK, E. GRAFAHREND-BELAU, U. SCHOLZ & M. LANGE: LAILAPS - the plant science search engine. *Plant Cell Physiol.* 56 (2015) e8.
- GERLACH, N., J. SCHMITZ, A. POLATAJKO, U. SCHLÜTER, H. FAHNENSTICH, S. WITT, A.R. FERNIE, K. UROIC, U. SCHOLZ, U. SONNEWALD & M. BUCHER: An integrated functional approach to dissect systemic responses in maize to arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Plant Cell Environ.* 38 (2015) 1591-1612.
- KRAJEWSKI, P., D. CHEN, H. ĆWIEK, A.D.J. VAN DIJK, F. FIORANI, P. KERSEY, C. KLUKAS, M. LANGE, A. MARKIEWICZ, J.P. NAP, J. VAN OEVEREN, C. POMMIER, U. SCHOLZ, M. VAN SCHRIEK, B. USADEL & S. WEISE: Towards recommendations for metadata and data handling in plant phenotyping. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 5417-5427.
- MURAYA, M.M., T. SCHMUTZER, C. ULPINNIS, U. SCHOLZ & T. ALTMANN: Targeted sequencing reveals large-scale sequence polymorphism in maize candidate genes for biomass production and composition. *PLoS One* 10 (2015) e0132120.
- SCHMUTZER, T., B. SAMANS, E. DYRSZKA, C. ULPINNIS, D. STENGEL, S. WEISE, C. COLMSEE, D. LE-SPINASSE, Z. MICIC, S. ABEL, P. DUCHSCHERER, F. BREUER, A. ABBADI, G. LECKBAND, R. SNOWDON & U. SCHOLZ: Species-wide genome sequence and nucleotide polymorphisms from the model allopolyploid plant *Brassica napus*. *Scientific Data* 2 (2015) 150072.
- SNOWDON, R.J., A. ABBADI, T. KOX, T. SCHMUTZER & G. LECKBAND: Heterotic Haplotype Capture: precision breeding for hybrid performance. *Trends Plant Sci.* 20 (2015) 410-413.
- SPANNAGL, M., M. ALAUX, M. LANGE, D. BOLSER, K. BADER, T. LELTELLIER, E. KIMMEL, R. FLORES, C. POMMIER, A. KERHORNOU, B. WALT, T. NUSSBAUMER, C. GRABMULLER, J. CHEN, C. COLMSEE, S. BEIER, M. MASCHER, T. SCHMUTZER, D. AREND, A. THANKI, R. RAMIREZ-GONZALEZ, M. AYLING, S. AYLING, M. CACCAMO, K.F.X. MAYER, U. SCHOLZ, D. STEINBACH, H. QUESNEVILLE & P. KERSEY: transPLANT resources for Triticeae genomic data. *Plant Genome* 9 (2015) 1-13.
- TAVAKOL, E., R. OKAGAKI, G. VERDERIO, V. SHARIATI, A. HUSSINI, H. BILGIC, M.J. SCANLON, N.R. TODT, T.J. CLOSE, A. DRUKA, R. WAUGH, B. STEURNAGEL, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, N. STEIN, G.J. MUEHLBAUER & L. ROSSINI: The barley *Unicula4* gene encodes a BLADE-ON-PETIOLE-like protein that controls tillering and leaf patterning. *Plant Physiol.* 168 (2015) 164-174.
- VU, G.T.H., T. SCHMUTZER, F. BULL, H.X. CAO, J. FUCHS, D.T. TRAN, G. JOVTCHEV, K. PISTRICK, N. STEIN, A. PECINKA, P. NEUMANN, P. NOVÁK, J. MACAS, P.H. DEAR, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT: Comparative genome analysis reveals divergent genome size evolution in a carnivorous plant genus. *Plant Genome* 8 (2015) 1-14.
- ZANG, W., P.E. ECKSTEIN, M. COLLIN, D. VOTH, A. HIMMELBACH, S. BEIER, N. STEIN, G.J. SCOLES & A.D. BEATTIE: Fine mapping and identification of a candidate gene for the barley *Un8* true loose smut resistance gene. *Theor. Appl. Genet.* 128 (2015) 1343-1357.

Articles in Compilations

2014

- AREND, D., C. COLMSEE, H. KNÜPFER, M. OPPERMAN, U. SCHOLZ, D. SCHÜLER, S. WEISE & M. LANGE: Data management experiences and best practices from the perspective of a plant research institute. In: GALHARDAS, H. & E. RAHM (Eds.): Data integration in the life sciences: 10th international conference, DILS 2014, Lisbon, Portugal, 17-18 July 2014; proceedings (Series: Lecture notes in computer science, Vol. 8574) Berlin [u.a.]: Springer (2014) 41-49.
- LANGE, M., R. HENKEL, W. MÜLLER, D. WALTERMATH & S. WEISE: Information retrieval in life sciences: a programmatic survey. In: CHEN, M. & R. HOFSTÄDT (Eds.): Approaches in integrative bioinformatics: towards the virtual cell. Berlin [u.a.]: Springer (2014) 73-109.
- STEIN, N. & B. STEURNAGEL: Advances in sequencing the barley genome. In: TUBEROSA, R., A. GRANER & E. FRISON (Eds.): Genomics of plant genetic resources. Vol. 1. Managing, sequencing and mining genetic resources. Dordrecht [u.a.]: Springer (2014) 391-403.

2015

SRETENOVIC RAJICIC, T., T. LÜBBERSTEDT, L. BACH JENSEN, U. SCHOLZ, E. WEBER, A. GRÄNER & K.J. DEHMER: Single nucleotide polymorphism (SNP) markers for allele quantification in *Lolium* (Poaceae): development and first applications. In: BUDAK, H. & G. SPANGENBERG (Eds.): The Proceedings of the 8th International Symposium on the Molecular Breeding of Forage and Turf. Springer (2015) 143-163.

Theses

2014

COLMSEE, C.: Datenmanagement und Visualisierung von BAC-Netzwerken zur Unterstützung der Sequenzierung des Gerstengenoms. (Master Thesis) Hochschule Harz, Fachbereich Automatisierung und Informatik, Wernigerode (2014) 72 pp.

MASCHER, M.: POPSEQ Anchoring and ordering contig assemblies from next generation sequencing data by population sequencing. (PhD Thesis) Universität Bielefeld, Technische Fakultät, Bielefeld (2014) 133 pp.

2015

SCHILLING, F.: Analyse von Gensstrukturen in der Kulturpflanze Gerste. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2015) 91 pp.

Research Group Chromosome Structure and Function

Peer Reviewed Papers

2014

CABRAL, G., A. MARQUES, V. SCHUBERT, A. PEDROSA-HARAND & P. SCHLÖGELHOFER: Chiasmatic and achiasmatic inverted meiosis of plants with holocentric chromosomes. Nat. Commun. 5 (2014) 5070.

DEMIDOV, D., I. LERMONTOVA, O. WEISS, J. FUCHS, T. RUTTEN, K. KUMKE, T.F. SHARBEL, D. VAN DAMME, N. DE STORME, D. GEELLEN & A. HOUBEN: Altered expression of Aurora

kinases in *Arabidopsis* results in aneu- and polyploidization. Plant J. 80 (2014) 449-461.

DEMIDOV, D., V. SCHUBERT, K. KUMKE, O. WEISS, R. KARIMI-ASH-TIYANI, J. BUTLAR, S. HECKMANN, G. WANNER, Q. DONG, F. HAN & A. HOUBEN: Anti-phosphorylated histone H2A Thr120 - a universal marker for centromeric chromatin of mono- and holocentric plant species. Cytogenet. Genome Res. 143 (2014) 150-156.

DUNEMANN, F., O. SCHRADER, H. BUDAHN & A. HOUBEN: Characterization of centromeric histone H3 (CENH3) variants in cultivated and wild carrots (*Daucus* sp.). PLoS One 9 (2014) e98504.

DÜRR, J., I.B. LÖLAS, B.B. SØRENSEN, V. SCHUBERT, A. HOUBEN, M. MELZER, R. DEUTZMANN, M. GRASSER & K.D. GRASSER: The transcript elongation factor SPT₄/SPT₅ is involved in auxin-related gene expression in *Arabidopsis*. Nucleic Acids Res. 42 (2014) 4332-4347.

FENG, S., S.J. COKUS, V. SCHUBERT, J. ZHAI, M. PELLEGRINI & S.E. JACOBSEN: Genome-wide Hi-C analyses in wild type and mutants reveal high-resolution chromatin interactions in *Arabidopsis*. Mol. Cell 55 (2014) 694-707.

HECKMANN, S., M. JANKOWSKA, V. SCHUBERT, K. KUMKE, W. MA & A. HOUBEN: Alternative meiotic chromatid segregation in the holocentric plant *Lu-zula elegans*. Nat. Commun. 5 (2014) 4979.

HECKMANN, S., V. SCHUBERT & A. HOUBEN: Holocentric plant meiosis: first sisters, then homologues. Cell Cycle 13 (2014) 3623-3624.

HOUBEN, A., A.M. BANAEI-MOGHAD-DAM, S. KLEMMER & J.N. TIMMIS: Evolution and biology of supernumerary B chromosomes. Cell. Mol. Life Sci. 71 (2014) 467-478.

ISHII, T. & A. HOUBEN: How to eliminate a partner for good. Cell Cycle 13 (2014) 1-2.

LERMONTOVA, I., M. SANDMANN & D. DEMIDOV: Centromeres and

kinetochores of Brassicaceae. Chromosome Res. 22 (2014) 135-152.

MIRZAGHADERI, G., A. HOUBEN & E.D. BADAIEVA: Molecular-cytogenetic analysis of *Aegilops triuncialis* and identification of its chromosomes in the background of wheat. Mol. Cytogenet. 7 (2014) 91.

POURSAREBANI, N., L. MA, T. SCHMUTZER, A. HOUBEN & N. STEIN: FISH mapping for physical map improvement in the large genome of barley - a case study on chromosome 2H. Cytogenet. Genome Res. 143 (2014) 275-279.

RUBAN, A., J. FUCHS, A. MARQUES, V. SCHUBERT, O. RASKINA, A. SOLOVIEV, E. BADAIEVA & A. HOUBEN: B chromosomes of *Aegilops speltoides* are enriched in organelle genome-derived sequences. PLoS One 9 (2014) e90214.

RUIZ-RODRIGUEZ, M.D., C.M. AVILA, A.M. TORRES, J. FUCHS & I. SCHUBERT: Anchoring of genetic linkage maps to the chromosome complement of *Vicia faba* L. Mol. Breed. 33 (2014) 743-748.

SCHMUTZER, T., L. MA, N. POURSAREBANI, F. BULL, N. STEIN, A. HOUBEN & U. SCHOLZ: Kmasker - a tool for in silico prediction of single-copy FISH probes for the large-genome species *Hordeum vulgare*. Cytogenet. Genome Res. 142 (2014) 66-78.

SCHUBERT, V.: RNA polymerase II forms transcription networks in rye and *Arabidopsis* nuclei and its amount increases with endopolyploidy. Cytogenet. Genome Res. 143 (2014) 69-77.

SCHUBERT, V., I. LERMONTOVA & I. SCHUBERT: Loading of the centromeric histone H3 variant during meiosis-how does it differ from mitosis? Chromosoma 123 (2014) 491-497.

SCHUBERT, V., R. RUDNIK & I. SCHUBERT: Chromatin associations in *Arabidopsis* interphase nuclei. Front. Genet. 5 (2014) 389.

WANG, W., G. HABERER, H. GUNDLACH, C. GLÄSSER, T. NUSSBAU-

MER, M.C. LUO, A. LOMSADEZ, M. BORODOVSKY, R.A. KERSTETTER, J. SHANKLIN, D.W. BYRANT, T.C. MOCKLER, K.J. APPENROTH, J. GRIMWOOD, J. JENKINS, J. CHOW, C. CHOI, C. ADAM, X.H. CAO, J. FUCHS, I. SCHUBERT, D. ROKHSAR, J. SCHMUTZ, T.P. MICHAEL, K.F. MAYER & J.X. MESSING: The *Spirodela polyrrhiza* genome reveals insights into its neotenuous reduction fast growth and aquatic lifestyle. Nat. Commun. 5 (2014) 3311.

ZAKRZEWSKI, F., V. SCHUBERT, P. VIEHOEVER, A.E. MINOCHE, J.C. DOHM, H. HIMMELBAUER, B. WEISSHAAR & T. SCHMIDT: The CHH motif in sugar beet satellite DNA: a modulator for cytosine methylation. Plant J. 78 (2014) 937-950.

2015

ALIYEVA-SCHNORR, L., S. BEIER, M. KARAFIÁTOVÁ, T. SCHMUTZER, U. SCHOLZ, J. DOLEŽEL, N. STEIN & A. HOUBEN: Cytogenetic mapping with centromeric BAC contigs shows that this recombination-poor region comprises more than half of barley chromosome 3H. Plant J. 84 (2015) 385-394.

ALIYEVA-SCHNORR, L., L. MA & A. HOUBEN: A fast air-dry dropping chromosome preparation method suitable for FISH in plants. JoVE (2015) e53470.

ANTOSCH, M., V. SCHUBERT, P. HOLZINGER, A. HOUBEN & K.D. GRASSER: Mitotic lifecycle of chromosomal 3xHMG-box proteins and the role of their N-terminal domain in the association with rDNA loci and proteolysis. New Phytol. 208 (2015) 1067-1077.

BADAIEVA, E.D., A.V. AMOSOVA, N.P. GONCHAROV, J. MACAS, A.S. RUBAN, I.V. GRECHISHNIKOVA, S.A. ZOSHCHUK & A. HOUBEN: A set of cytogenetic markers allows the precise identification of all A-genome chromosomes in diploid and polyploid wheat. Cytogenet. Genome Res. 146 (2015) 71-79.

BANAEI-MOGHADAM, A.M., M.M. MARTIS, J. MACAS, H. GUNDLACH, A. HIMMELBACH, L. ALTSCHMIED, K.F. MAYER & A. HOUBEN: Genes on B chro-

- mosomes: Old questions revisited with new tools. *Biochim. Biophys. Acta* 1849 (2015) 64-70.
- BATZENSCHLAGER, M., I. LERMONTOVA, V. SCHUBERT, J. FUCHS, A. BERR, M.A. KOINI, G. HOULNÉ, E. HERZOG, T. RUTTEN, A. ALIOUA, P. FRANZ, A.-C. SCHMIT & M.-E. CHABOUTÉ: Arabidopsis MZT1 homologs GIP1 and GIP2 are essential for centromere architecture. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 8656-8660.
- BOG, M., U. LAUTENSCHLAGER, M.F. LANDROCK, E. LANDOLT, J. FUCHS, S.K. SREE, C. OBERPRIELER & K.-J. APPENROTH: Genetic characterisation and barcoding of taxa in the genera *Landoltia* and *Spirodela* (Lemnaceae) by three plastidic markers and amplified fragment length polymorphism (AFLP). *Hydrobiologia* 749 (2015) 169-182.
- DREISSIG, S., J. FUCHS, P. CAPAL, N. KETTLES, E. BYRNE & A. HOUBEN: Measuring meiotic crossovers via multi-locus genotyping of single pollen grains in barley. *PLoS One* 10 (2015) e0137677.
- GRABOWSKA- JOACHIMIAK, A., A. KULA, D. GERNAND-KLIEFOTH & A.J. JOACHIMIAK: Karyotype structure and chromosome fragility in the grass *Phleum echinatum* Host. *Protoplasma* 252 (2015) 301-306.
- ISHII, T., R. KARIMI-ASHTIYANI, A.M. BANAEI-MOGHADDAM, V. SCHUBERT, J. FUCHS & A. HOUBEN: The differential loading of two barley CENH3 variants into distinct centromeric substructures is cell type- and development-specific. *Chromosome Res.* 23 (2015) 277-284.
- JANKOWSKA, M., J. FUCHS, E. KLOCKE, M. FOJTOVÁ, P. POLANSKÁ, J. FAJKUS, V. SCHUBERT & A. HOUBEN: Holokinetic centromeres and efficient telomere healing enable rapid karyotype evolution. *Chromosoma* 124 (2015) 519-528.
- KARIMI- ASHTIYANI, R., T. ISHII, M. NIESSEN, N. STEIN, S. HECKMANN, M. GURUSHIDZE, A.M. BANAEI-MOGHADDAM, J. FUCHS, V. SCHUBERT, K. KOCH, O. WEISS, D. DEMIDOV, K. SCHMIDT, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Point mutation impairs centromeric CENH3 loading and induces haploid plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 11211-11216.
- MARQUES, A., T. RIBEIRO, P. NEUMANN, J. MACAS, P. NOVÁK, V. SCHUBERT, M. PELLINO, J. FUCHS, W. MA, M. KUHLMANN, R. BRANDT, A.L.L. VANZELA, T. BESEDA, H. ŠIMKOVÁ, A. PEDROSA-HARAND & A. HOUBEN: Holocentromeres in *Rhynchospora* are associated with genome-wide centromere-specific repeat arrays interspersed amongst euchromatin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 13633-13638.
- METTE, M.F. & A. HOUBEN: Engineering of plant chromosomes. *Chromosome Res.* 23 (2015) 69-76.
- MURSALIMOV, S., N. PERMYKOVA, E. DEINEKO, A. HOUBEN & D. DEMIDOV: Cytomixis doesn't induce obvious changes in chromatin modifications and programmed cell death in tobacco male meiocytes. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 846 <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2015.00846>.
- SCHMID, M., M. GUTTENBACH, C. STEINLEIN, G. WANNER & A. HOUBEN: Cytogenetic characterisation of the TM4 mouse sertoli cell line. II. Chromosome microdissection, FISH, scanning electron microscopy and confocal laser scanning microscopy. *Cytogenet. Genome Res.* 147 (2015) 135-143.
- SCHUBERT, V. & K. WEISSHART: Abundance and distribution of RNA polymerase II in *Arabidopsis* interphase nuclei. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 1687-1698.
- TOMAŠTIKOVÁ, E., D. DEMIDOV, H. JEŘÁBKOVÁ, P. BINAROVÁ, A. HOUBEN, J. DOLEŽEL & B. PETROVSKÁ: TPX2 protein of *Arabidopsis* activates Aurora kinase 1, but not Aurora kinase 3 *in vitro*. *Plant Mol. Biol. Rep.* (2015) 1-8.
- TRAN, D.T., H.X. CAO, G. JOVTCHEV, P. NOVÁK, G.T.H. VU, J. MACAS, I. SCHUBERT & J. FUCHS: Chromatin organization and cytological features of carnivorous *Genlisea* species with large genome size differences. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 613.
- TRAN, T.D., H.X. CAO, G. JOVTCHEV, P. NEUMANN, P. NOVÁK, M. FOJTOVÁ, G.T. VU, J. MACAS, J. FAJKUS, I. SCHUBERT & J. FUCHS: Centromere and telomere sequence alterations reflect the rapid genome evolution within the carnivorous plant genus *Genlisea*. *Plant J.* 84 (2015) 1087-1099.
- VU, G.T.H., T. SCHMUTZER, F. BULL, H.X. CAO, J. FUCHS, D.T. TRAN, G. JOVTCHEV, K. PISTRICK, N. STEIN, A. PECINKA, P. NEUMANN, P. NOVÁK, J. MACAS, P.H. DEAR, F.R. BLATTNER, U. SCHOLZ & I. SCHUBERT: Comparative genome analysis reveals divergent genome size evolution in a carnivorous plant genus. *Plant Genome* 8 (2015) 1-14.
- WANNER, G., E. SCHROEDER-REITER, W. MA, A. HOUBEN & V. SCHUBERT: The ultrastructure of mono- and holocentric plant centromeres: an immunological investigation by structured illumination microscopy and scanning electron microscopy. *Chromosoma* 124 (2015) 503-517.

Editorships

2014

- HOUBEN, A., T. NARANJO & M.J. PUERTAS (Eds.): Special Issue: Organization, dynamics and modification of chromatin in plants. (Series: Cytogenet. Genome Res., Vol. 143, No. 1-3) Basel: Karger (2014) 220 pp.

Theses

2015

- HAMPEL, J.: Wirksamkeitsanalyse von Inhibitoren, welche post-translationale Modifizierungen des Histons H3 in Pflanzen beeinflussen. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 62 pp.

Research Group Apomixis

Peer Reviewed Papers

2014

- DEMIDOV, D., I. LERMONTOVA, O. WEISS, J. FUCHS, T. RUTTEN, K. KUMKE, T.F. SHARBEL, D. VAN DAMME, N. DE STORME, D. GEELLEN & A. HOUBEN: Altered expression of Aurora kinases in *Arabidopsis* results in aneu- and polyploidization. *Plant J.* 80 (2014) 449-461.
- HOJSGAARD, D., J. GREILHUBER, M. PELLINO, O. PAUN, T.F. SHARBEL & E. HÖRANDL: Emergence of apospory and bypass of meiosis via apomixis after sexual hybridisation and polyploidisation. *New Phytol.* 204 (2014) 1000-1012.
- LOVELL, J.T., K. GROGAN, T.F. SHARBEL & J.K. MCKAY: Mating system and environmental variation drive patterns of adaptation in *Boechera spatifolia* (Brassicaceae). *Mol. Ecol.* 23 (2014) 4486-4497.
- NEIMAN, M., T.F. SHARBEL & T. SCHWANDER: Genetic causes of transitions from sexual reproduction to asexuality in plants and animals. *J. Evol. Biol.* 27 (2014) 1346-1359.
- PUEENTE MOLINS, M., J.M. CORRAL, O.M. ALIYU, M.A. KOCH, A. BETZIN, J.L. MARON & T.F. SHARBEL: Biogeographic variation in genetic variability, apomixis expression and ploidy of *St. John's wort* (*Hypericum perforatum*) across its native and introduced range. *Ann. Bot.* 113 (2014) 417-427.
- SEEBER, E., G. WINTERFELD, I. HENSEN, T.F. SHARBEL, W. DURKA, J. LIU, Y.-P. YANG & K. WESCHE: Ploidy in the alpine sedge *Kobresia pygmaea* (Cyperaceae) and related species: combined application of chromosome counts, new microsatellite markers and flow cytometry. *Bot. J. Linn. Soc.* 176 (2014) 22-35.

2015

- GALLA, G., H. VOGEL, T.F. SHARBEL & G. BARCACCIA: *De novo* sequencing of the *Hypericum perforatum* L. flower transcriptome to identify potential genes that are related to plant

reproduction *sensu lato*. BMC Genomics 16 (2015) 254.

HE, S., Y. ZHAO, M.F. METTE, R. BOTHER, E. EBMAYER, T.F. SHARBEL, J.C. REIF & Y. JIANG: Prospects and limits of marker imputation in quantitative genetic studies in European elite wheat (*Triticum aestivum* L.). BMC Genomics 16 (2015) 168.

MANDÁKOVÁ, T., T.F. SHARBEL, M.E. SCHRANZ, H. DE JONG & M.A. LYSÁK: Karyotype evolution in apomictic *Boechnera* and the origin of the aberrant chromosomes. Plant J. 82 (2015) 785-793.

MARQUES, A., T. RIBEIRO, P. NEUMANN, J. MACAS, P. NOVÁK, V. SCHUBERT, M. PELLINO, J. FUCHS, W. MA, M. KUHLMANN, R. BRANDT, A.L.L. VANZELA, T. BESEDA, H. ŠIMKOVÁ, A. PEDROSA-HARAND & A. HOUBEN: Holocentromeres in *Rhynchospora* are associated with genome-wide centromere-specific repeat arrays interspersed amongst euchromatin. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 112 (2015) 13633-13638.

MAU, M., J.T. LOVELL, J.M. CORRAL, C. KIEFER, M.A. KOCH, O.M. ALIYU & T.F. SHARBEL: Hybrid apomicts trapped in the ecological niches of their sexual ancestors. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 112 (2015) E2357-E2365.

OTTO, L.-G., W.R. JUNGHANS, A. PLESCHER, M. SONNENSCHN & T.F. SHARBEL: Towards breeding of triploid chamomile (*Matricaria recutita* L.) – Ploidy variation within German chamomile of various origins. Plant Breed. 134 (2015) 485-493.

RAGGI, L., E. BITOCCHI, L. RUSSI, G. MARCONI, T.F. SHARBEL, F. VERONESI & E. ALBERTINI: Understanding genetic diversity and population structure of a *Poa pratensis* worldwide collection through morphological, nuclear and chloroplast diversity analysis. PLoS One 10 (2015) e0124709.

SOCHOR, M., R.J. VAŠUT, T.F. SHARBEL & B. TRÁVNÍČEK: How just a few makes a lot: Speciation via reticulation and apomixis on example of European brambles (*Rubus* subgen. *Ru-*

bus, Rosaceae). Mol. Phylogenet. Evol. 89 (2015) 13-27.

Theses

2015

PELLINO, M.: Gene expression analysis and transcriptome evolution in apomixis: A case study in *Boechnera* and *Ranunculus*. (PhD Thesis) Ruprecht-Karls-Universität, Fakultäten für Naturwissenschaften und Mathematik, Heidelberg (2015) 134 pp.

Patents

2014

SHARBEL, T.F. & J. CORRAL GARCIA: Improved methods for inducing apomixis in plants. (Patent), Veröffentlichung: 05.06.2014, IPK-Nr. 2012/13. WO 2014/083047 (2014).

Research Group Pathogen Stress Genomics

Peer Reviewed Papers

2014

CHOWDHURY, J., M. HENDERSON, P. SCHWEIZER, R.A. BURTON, G.B. FINCHER & A. LITTLE: Differential accumulation of callose, arabinoxylan and cellulose in nonpenetrated versus penetrated papillae on leaves of barley infected with *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*. New Phytol. 204 (2014) 650-660.

DOUCHKOV, D., S. LÜCK, A. JOHRDE, D. NOWARA, A. HIMMELBACH, J. RAJARAMAN, N. STEIN, R. SHARMA, B. KILIAN & P. SCHWEIZER: Discovery of genes affecting resistance of barley to adapted and non-adapted powdery mildew fungi. Genome Biol. 15 (2014) 518.

YOUSSEF, H.M., R. KOPPOLU, T. RUTTEN, V. KORZUN, P. SCHWEIZER & T. SCHNURBUSCH: Genetic mapping of the *labile* (*lab*) gene: a recessive locus causing irregular spikelet fertility in *labile*-barley (*Hordeum vulgare* conv. *labile*). Theor. Appl. Genet. 127 (2014) 1123-1131.

Articles in Compilations

2014

DOUCHKOV, D., S. LÜCK, T. BAUM, U. SEIFFERT & P. SCHWEIZER: Microphenomics for interactions of barley with fungal pathogens. In: TUBEROSA, R., A. GRANER & E. FRISON (Eds.): Genomics of plant genetic resources. Vol. 2: Crop productivity, food security and nutritional quality. Dordrecht [u.a.]: Springer (2014) 123-148.

SCHWEIZER, P.: Host and nonhost response to attack fungal pathogens. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 197-235.

Theses

2014

SHARDA, N.: High-throughput candidate gene identification for a resistance QTL against powdery mildew on barley chromosome 2HL. (Master Thesis) Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel (2014) 63 pp.

Patents

2014

SCHWEIZER, P., A. HIMMELBACH & D. DOUCHKOV: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (RLK_compl3 Hcluster_2). (Industrieanmeldung), Veröffentlichung: 22.05.2014, IPK-Nr. 2012/05. WO2014/076659 (2014).

SCHWEIZER, P., A. HIMMELBACH & D. DOUCHKOV: Method of producing plants having increased resistance to pathogens (RLK_7). (Industrieanmeldung), Veröffentlichung: 19.11.2014, IPK-Nr. 2012/07. GB2515206 (2014).

Research Group Gene and Genome Mapping

Peer Reviewed Papers

2014

KISELEVA, A.A., E.E. EGGI, V.A. KOSHKIN, M.N. SITNIKOV, M. RÖDER, E.A. SALINA & E.K. POTOKINA: Detection of genetic determinants that define the difference in photoperiod sensitivity of *Triticum aestivum* L. near-isogenic lines. Russ. J. Genet. 50 (2014) 701-711.

KOLLERS, S., B. RODEMANN, J. LING, V. KORZUN, E. EBMAYER, O. ARGILLIER, M. HINZE, J. PLIESKE, D. KULOSA, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Genome-wide association mapping of tan spot resistance (*Pyrenophora tritici-repentis*) in European winter wheat. Mol. Breed. 34 (2014) 363-371.

MATTHIES, I.E., M. MALOSETTI, M.S. RÖDER & F. VAN EEUWIJK: Genome-wide association mapping for kernel and malting quality traits using historical European barley records. PLoS One 9 (2014) e110046.

NAGEL, M., S. NAVAKODE, V. SCHEIBAL, M. BAUM, M. NACHIT, M.S. RÖDER & A. BÖRNER: The genetic basis of durum wheat germination and seedling growth under osmotic stress. Biol. Plant. 58 (2014) 681-688.

ZANKE, C., J. LING, J. PLIESKE, S. KOLLERS, E. EBMAYER, V. KORZUN, O. ARGILLIER, G. STIEWE, M. HINZE, S. BEIER, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Genetic architecture of main effect QTL for heading date in European winter wheat. Front. Plant Sci. 5 (2014) 217.

ZANKE, C.D., J. LING, J. PLIESKE, S. KOLLERS, E. EBMAYER, V. KORZUN, O. ARGILLIER, G. STIEWE, M. HINZE, K. NEUMANN, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Whole genome association mapping of plant height in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). PLoS One 9 (2014) e113287.

2015

DÍAZ DE LEÓN, J.L., T. CASTELLANOS, J. LING, A. ROJAS-HERNÁNDEZ & M.S. RÖDER: Quantitative trait

loci underlying the adhesion of *Azospirillum brasilense* cells to wheat roots. Euphytica 204 (2015) 81-90.

JIANG, Y., Y. ZHAO, B. RODEMANN, J. PLIESKE, S. KOLLERS, V. KORZUN, E. EBMAYER, O. ARGILLIER, M. HINZE, J. LING, M.S. RÖDER, M.W. GANAL, M.F. METTE & J.C. REIF: Potential and limits to unravel the genetic architecture and predict the variation of Fusarium head blight resistance in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.). Heredity 114 (2015) 318-326.

KUMAR, S., M.S. RÖDER, S.B. TRIPATHI, S. KUMAR, R. CHAND, A.K. JOSHI & U. KUMAR: Mendelization and fine mapping of a bread wheat spot blotch disease resistance QTL. Mol. Breed. 35 (2015) 218.

LEONOVA, I.N., O.A. ORLOVSKAYA, M.S. RÖDER, M.A. NESTEROV & E.B. BUDASHKINA: Molecular diversity of common wheat introgression lines (*T. aestivum* / *T. timopheevii*). Russ. J. Genet. 5 (2015) 191-197.

PRASHANT, R., E. MANI, R. RAI, R.K. GUPTA, R. TIWARI, B. DHOLAKIA, M. OAK, M. RÖDER, N. KADOO & V. GUPTA: Genotype × environment interactions and QTL clusters underlying dough rheology traits in *Triticum aestivum* L. J. Cereal Sci. 64 (2015) 82-91.

SALEM, K.F.M., M.S. RÖDER & A. BÖRNER: Assessing genetic diversity of Egyptian hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) using microsatellite markers. Genet. Resour. Crop Evol. 62 (2015) 377-385.

ZANKE, C.D., J. LING, J. PLIESKE, S. KOLLERS, E. EBMAYER, V. KORZUN, O. ARGILLIER, G. STIEWE, M. HINZE, F. NEUMANN, A. EICHORN, A. POLLEY, C. JAENECKE, M.W. GANAL & M.S. RÖDER: Analysis of main effect QTL for thousand grain weight in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.) by genome-wide association mapping. Front. Plant Sci. 6 (2015) 644.

Articles in Compilations

2014

ANTONOVA, E.V., V.N. POZOLOTNA, E.M. KARIMULLINA & M.S. RÖDER: Radiobiological and genetic effects of *Bromus inermis* seed progeny from populations of the East-Ural Radioactive Trace (Russia, Kyshtym accident). IC-RER2014 - 3rd International Conference on Radioecology & Environmental Radioactivity, Barcelona, Spain, 7-12 September 2014, conference paper (2014) <https://intranet.pacifico-meetings.com/amsysweb/publicacionOnline.jsf?id=146>.

2015

BÖRNER, A., F.C. OGBONNAYA, M.S. RÖDER, A. RASHEED, S. PERIYANNAN & E.S. LAGUDAH: *Aegilops tauschii* introgressions in wheat. In: MOLNÁR-LÁNG, M., C. CEOLONI & J. DOLEŽEL (Eds.): Alien introgression in wheat: cytogenetics, molecular biology, and genomics. Switzerland: Springer International Publishing (2015) 245-271.

HAILE, J.K., A. BADEBO, M.M. NACHIT & M.S. RÖDER: Identification of QTL conferring resistance to Ethiopian stem rust races of *Puccinia graminis* f.sp. *tritici* in durum wheat. In: Agricultural innovations for sustainable development: contributions from the 3rd Africa-wide women and young professionals in science competitions. (2015) 263-269.

Other Papers

2014

BÖRNER, A., F. ARANA-CEBALLOS, A. BAKHSH, Y.V. CHESNOKOV, A.M. CASTRO, G. GERARD, E.I. GORDEEVA, C. JAENICKE, T. KARTSEVA, E.K. KHELESTKINA, S. LANDJEVA, J. LING, U. LOHWASSER, V. MOROZOVA, M. NAGEL, S. NAVAKODE, S.V. OSIPOVA, A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA, M.A. REHMAN ARIF, M.S. RÖDER, A. SANABRIA, A. SHISHPARENOK, L.V. SHCHUKINA, M.R. SIMON, A.V. SIMONOV, O.G. SMIRNOVA, M. TAYLOR, C. VOLKMAR, K. ZAYNALI NEZHAD & C. ZANKE: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 60 (2014) 10-17.

2015

BÖRNER, A., M. AGACKA-MOLDOCH, F. ARANA-CEBALLOS, A.M. CASTRO, P. CHAMURLUSKI, Y.V. CHESNOKOV, C. CLEMENZ, G. GERARD, E.K. KHELESTKINA, V. KOUTEV, T.V. KUKOEVA, S. LANDJEVA, J. LING, U. LOHWASSER, G. LORI, I. MALBRÂN, M. NAGEL, C.O. QUALSET, D. PALEJEV, M.A. REHMAN ARIF, R. RODEVA, M.S. RÖDER, A. SANABRIA, O.Y. SHOEVA, M.R. SIMON, C. VOLKMAR, K. ZAYNALI NEZHAD & C.D. ZANKE: Items from Germany. Ann. Wheat Newsl. 61 (2015) 8-13.

Research Group Genome Plasticity

Peer Reviewed Papers

2014

CAO, H.X. & R. SCHMIDT: Inter-genomic single nucleotide polymorphisms as a tool for bacterial artificial chromosome contig building of homoeologous *Brassica napus* regions. BMC Genomics 15 (2014) 560.

Department of Molecular Genetics

Research Group Heterosis

Peer Reviewed Papers

2014

BRANDT, R., M. CABEDO, Y. XIE & S. WENKEL: Homeodomain leucine-zipper proteins and their role in synchronizing growth and development with the environment. J. Integr. Plant Biol. 56 (2014) 518-526.

CHEN, D., K. NEUMANN, S. FRIEDEL, B. KILIAN, M. CHEN, T. ALTMANN & C. KLUKAS: Dissecting the phenotypic components of crop plant growth and drought responses based on high-throughput image analysis. Plant Cell 26 (2014) 4636-4655.

HARSHAVARDHAN, V.T., L. VAN SON, C. SEILER, A. JUNKER, K. WEIGELT-FISCHER, C. KLUKAS, T. ALTMANN, N. SREENIVASULU, H. BÄUMLEIN & M. KUHLMANN: AtRD22 and AtUSPL1, members of the plant-specific BURP domain family involved in *Arabidopsis thaliana* drought tolerance. PLoS One 9 (2014) e110065.

HAY, J.O., H. SHI, N. HEINZEL, I. HEBBELMANN, H. ROLLETSCHKE & J. SCHWENDER: Integration of a constraint-based metabolic model of *Brassica napus* developing seeds with (13)C-metabolic flux analysis. Front. Plant Sci. 5 (2014) 724.

KETTERER, S., D. HÖVERMANN, R.J. GUEBELI, F. BARTELS-BURGAHN, D. RIEWE, T. ALTMANN, M.D. ZURBRIGGEN, B. JUNKER, W. WEBER & M. MEIER: Transcription factor sensor system for parallel quantification of metabolites on-chip. Anal. Chem. 86 (2014) 12152-12158.

LI, P., H. ZHOU, X. SHI, B. YU, Y. ZHOU, S. CHEN, Y. WANG, Y. PENG, R.C. MEYER, S.C. SMEEKENS & S. TENG: The *ABI4*-induced *Arabidopsis ANAC060* transcription factor attenuates ABA signaling and renders seedlings sugar insensitive when present in the nucleus. PLoS Genet. 10 (2014) e1004213.

LORENZ, C., H. ROLLETSCHKE, S. SUNDERHAUS & H.P. BRAUN: *Brassica napus* seed endosperm - Metabolism and signaling in a dead end tissue. J. Proteomics 108 (2014) 382-426.

RADCHUK, V. & L. BORISJUK: Physiological, metabolic and developmental functions of the seed coat. Front. Plant Sci. 5 (2014) 510.

RADCHUK, V., Y.V. PIRKO, S.V. ISAYENKOV, A.I. YEMETS & Y.B. BLUME: cDNA library construction from meristematic tissue of finger millet panicle. Cytol. Genet. 48 (2014) 273-278.

REVILLA, P., V.M. RODRÍGUEZ, A. ORDÁS, R. RINCENT, A. CHARCOSSET, C. GIAUFFRET, A.E. MELCHINGER, C.C. SCHÖN, E. BAUER, T. ALTMANN, D. BRUNEL, J. MORENO-GONZÁLEZ, L. CAMPO, M. OUZUNOVA, J. LABORDE, Á. ÁLVAREZ, J.I. RUIZ DE GALARRETA & R.A. MALVAR: Variability for cold tolerance in two large maize inbred panels adapted to European climates. Crop Sci. 54 (2014) 1981-1991.

- RINCENT, R., L. MOREAU, H. MONOD, E. KUHN, A.E. MELCHINGER, R.A. MALVAR, J. MORENO-GONZALEZ, S. NICOLAS, D. MADUR, V. COMBES, F. DUMAS, T. ALTMANN, D. BRUNEL, M. OUZUNOVA, P. FLAMENT, P. DUBREUIL, A. CHARCOSSET & T. MARY-HUARD: Recovering power in association mapping panels with variable levels of linkage disequilibrium. *Genetics* 197 (2014) 375-387.
- RINCENT, R., S. NICOLAS, S. BOUCHET, T. ALTMANN, D. BRUNEL, P. REVILLA, R.A. MALVAR, J. MORENO-GONZALEZ, L. CAMPO, A.E. MELCHINGER, W. SCHIPPRACK, E. BAUER, C.C. SCHOEN, N. MEYER, M. OUZUNOVA, P. DUBREUIL, C. GIAUFFRET, D. MADUR, V. COMBES, F. DUMAS, C. BAULAND, P. JAMIN, J. LABORDE, P. FLAMENT, L. MOREAU & A. CHARCOSSET: Dent and Flint maize diversity panels reveal important genetic potential for increasing biomass production. *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 2313-2331.
- SCHWENDER, J., C. KÖNIG, M. KLAPPERTÜCK, N. HEINZEL, E. MUNZ, I. HEBBELMANN, J.O. HAY, P. DENOLF, S.D. BODT, H. REDESTIG, E. CAESTECKER, P.M. JAKOB, L. BORISJUK & H. ROLLETSCHEK: Transcript abundance on its own cannot be used to infer fluxes in central metabolism. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 668.
- TRAN, V., D. WEIER, R. RADCHUK, J. THIEL & V. RADCHUK: Caspase-like activities accompany programmed cell death events in developing barley grains. *PLoS One* 9 (2014) e109426.
- TSCHIRSCH, H., G. LIEBSCH, L. BORISJUK, A. STANGELMAYER & H. ROLLETSCHEK: Imaging microbial culture O₂ consumption. *Genet. Engin. Biotechnol. News* 34 (2014) 30.
- 2015**
- BANAEI-MOGHADDAM, A.M., M.M. MARTIS, J. MACAS, H. GUNDLACH, A. HIMMELBACH, L. ALTSCHMIED, K.F. MAYER & A. HOUBEN: Genes on B chromosomes: Old questions revisited with new tools. *Biochim. Biophys. Acta* 1849 (2015) 64-70.
- FUCHS, J., G. MELKUS, L. BORISJUK & P. JAKOB: Tracking metabolite dynamics in plants via indirect ¹³C chemical shift imaging with an interleaved variable density acquisition weighted sampling pattern. *Magn. Reson. Mat. Phys.* 28 (2015) 127-134.
- HAGMANN, J., C. BECKER, J. MÜLLER, O. STEGLE, R.C. MEYER, G. WANG, K. SCHNEEBERGER, J. FITZ, T. ALTMANN, J. BERGELSON, K. BORGWARDT & D. WEIGEL: Century-scale methylome stability in a recently diverged *Arabidopsis thaliana* lineage. *PLoS Genet.* 11 (2015) e1004920.
- JUNKER, A., M.M. MURAYA, K. WEIGELT-FISCHER, F. ARANA-CEBALLOS, C. KLUKAS, A.E. MELCHINGER, R.C. MEYER, D. RIEWE & T. ALTMANN: Optimizing experimental procedures for quantitative evaluation of crop plant performance in high throughput phenotyping systems. *Front. Plant Sci.* 5 (2015) 770.
- KOHL, S., J. HOLLMANN, A. ERBAN, J. KOPKA, D. RIEWE, W. WESCHKE & H. WEBER: Metabolic and transcriptional transitions in barley glumes reveal a role as transitory resource buffers during endosperm filling. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 1397-1411.
- MARQUES, A., T. RIBEIRO, P. NEUMANN, J. MACAS, P. NOVÁK, V. SCHUBERT, M. PELLINO, J. FUCHS, W. MA, M. KUHLMANN, R. BRANDT, A.L.L. VANZELA, T. BESEDA, H. ŠIMKOVÁ, A. PEDROSA-HARAND & A. HOUBEN: Holocentromeres in *Rhynchospora* are associated with genome-wide centromere-specific repeat arrays interspersed amongst euchromatin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 13633-13638.
- MEYER, R.C., G. HÖNIG, R. BRANDT, F. ARANA-CEBALLOS, C. NEITSCH, G. REUTER, T. ALTMANN & M. KUHLMANN: Overexpression of *Arabidopsis thaliana* *ERI*, the homolog of *C. elegans* *Enhancer of RNA interference*, leads to enhanced growth. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 531.
- MUÑOZ-AMATRIAIN, M., S. LONARDI, M. LUO, K. MADISHETTY, J. SVENSSON, M. MOSCOU, S. WANAMAKER, T. JIANG, A. KLEINHOF, G. MUEHLBAUER, R. WISE, N. STEIN, Y. MA, E. RODRIGUEZ, D. KUDRNA, P.R. BHAT, S. CHAO, P. CON-DAMINE, S. HEINEN, J. RESNIK, R. WING, H.N. WITT, M. ALPERT, M. BECCUTI, S. BOZDAG, F. CORDERO, H. MIREBRAHIM, R. OUNIT, Y. WU, F. YOU, J. ZHENG, H. ŠIMKOVÁ, J. DOLEŽEL, J. GRIMWOOD, J. SCHMUTZ, D. DUMA, L. ALTSCHMIED, T. BLAKE, P. BREGITZER, L. COOPER, M. DILBIRLIGI, A. FALK, L. FEIZ, A. GRANER, P. GUSTAFSON, P. HAYES, P. LE-MAUX, J. MAMMADOV & T. CLOSE: Sequencing of 15,622 gene-bearing BACs clarifies the gene-dense regions of the barley genome. *Plant J.* 84 (2015) 216-227.
- MURAYA, M.M., T. SCHMUTZER, C. ULPINNIS, U. SCHOLZ & T. ALTMANN: Targeted sequencing reveals large-scale sequence polymorphism in maize candidate genes for biomass production and composition. *PLoS One* 10 (2015) e0132120.
- MUSCOLO, A., A. JUNKER, C. KLUKAS, K. WEIGELT-FISCHER, D. RIEWE & T. ALTMANN: Phenotypic and metabolic responses to drought and salinity of four contrasting lentil accessions. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 5467-5480.
- NAGEL, M., I. KRANNER, K. NEUMANN, H. ROLLETSCHEK, C.E. SEAL, L. COLVILLE, B. FERNÁNDEZ-MARÍN & A. BÖRNER: Genome-wide association mapping and biochemical markers reveal that seed ageing and longevity are intricately affected by genetic background, developmental and environmental conditions in barley. *Plant Cell Environ.* 38 (2015) 1011-1022.
- ROLLETSCHEK, H., J. FUCHS, S. FRIEDEL, A. BÖRNER, H. TODT, P. JAKOB & L. BORISJUK: A novel noninvasive procedure for high-throughput screening of major seed traits. *Plant Biotechnol. J.* 13 (2015) 188-199.
- ROLLETSCHEK, H., E. GRAFAHREND-BELAU, E. MUNZ, V.V. RADCHUK, R. KARTÄUSCH, H. TSCHIRSCH, G. MELKUS, F. SCHREIBER, P.M. JAKOB & L. BORISJUK: Metabolic architecture of the cereal grain and its relevance to maximize carbon use efficiency. *Plant Physiol.* 169 (2015) 1698-1713.
- SCHILLING, S., L. GRAMZOW, D. LOBBES, A. KIRBIS, L. WEILANDT, A. HOFFMEIER, A. JUNKER, K. WEIGELT-FISCHER, C. KLUKAS, F. WU, Z. MENG, T. ALTMANN & G. THEISSEN: Non-canonical structure, function and phylogeny of the B MADS-box gene *OsMADS30* of rice (*Oryza sativa*). *Plant J.* 84 (2015) 1059-1072.
- SCHWENDER, J., I. HEBBELMANN, N. HEINZEL, T.M. HILDEBRANDT, A. ROGERS, D. NAIK, M. KLAPPERTÜCK, H.P. BRAUN, F. SCHREIBER, P. DENOLF, L. BORISJUK & H. ROLLETSCHEK: Quantitative multilevel analysis of central metabolism in developing oilseeds of *Brassica napus* during *in vitro*-culture. *Plant Physiol.* 168 (2015) 828-848.
- SREE, K.S., A. KERESZTES, B. MUELLER-ROEBER, R. BRANDT, M. EBERIUS, W. FISCHER & K.J. APPENDOTH: Phytotoxicity of cobalt ions on the duckweed *Lemna minor* – Morphology, ion uptake, and starch accumulation. *Chemosphere* 131 (2015) 149-156.
- SUBBARAYAN, K., H. ROLLETSCHEK, A. SENULA, K. ULAGAPPAN, M.-R. HAJIREZAEI & E.R.J. KELLER: Influence of oxygen deficiency and the role of specific amino acids in cryopreservation of garlic shoot tips. *BMC Biotechnol.* 15 (2015) 40.
- THORMÄHLEN, I., T. MEITZEL, J. GROYSMAN, A.B. ÖCHSNER, E. VON ROEPENACK-LAHAYE, B. NARANJO, F.J. CEJUDO & P. GEIGENBERGER: Thioredoxin f1 and NADPH-dependent thioredoxin reductase C have overlapping functions in regulating photosynthetic metabolism and plant growth in response to varying light conditions. *Plant Physiol.* 169 (2015) 1766-1786.
- XIE, Y., D. STRAUB, T. EGUEN, R. BRANDT, M. STAHL, J.F. MARTÍNEZ-GARCÍA & S. WENKEL: Meta-analysis of Arabidopsis KANADI1 direct target genes identifies basic growth-promoting module acting upstream of hormonal signaling pathways. *Plant Physiol.* 169 (2015) 1240-1253.
- ZHANG, H.M., S. WHEELER, X. XIA, R. RADCHUK, H. WEBER, C.E. OFFLER & J.W. PATRICK: Differential transcriptional

networks associated with key phases of ingrowth wall construction in trans-differentiating epidermal transfer cells of *Vicia faba* cotyledons. BMC Plant Biol. 15 (2015) 103.

Articles in Compilations

2014

ALTMANN, T.: Innovation Pflanzenzüchtung – Leistungsvorhersage mittels tiefer genetischer und biologischer Markerdaten. In: Innovative Erzeugung, Konversion und Nutzung agrarischer Biomasse - Zukunftsfeld der Bioökonomie: 25. Hülseberger Gespräche. (Schriftenreihe der H. Wilhelm Schaumann Stiftung) Hamburg (2014) 59-67.

BORISJUK, L. & G. MELKUS: Nuclear magnetic resonance imaging of metabolites in plants and animals. In: HOUGH, R. & J. CAMARILLO (Eds.): *In vivo* imaging: new research. New York: Nova Science Publishers (2014) 1-48.

CHEN, D., M. CHEN, T. ALTMANN & C. KLUKAS: Bridging genomics and phenomics. In: CHEN, M. & R. HOFSTÄDT (Eds.): Approaches in integrative bioinformatics: towards the virtual cell. Berlin [u.a.]: Springer (2014) 299-333.

GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Flux balance analysis as an alternative method to estimate fluxes without labeling. (Review). In: DIEUAIDE-NOUBHANI, M. & A.P. ALONSO (Eds.): Plant metabolic flux analysis: methods and protocols. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1090) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 281-299.

KRACH, C., A. JUNKER, H. ROHN, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Flux visualization using VANTED/FluxMap. In: KRÖMER, J.O., L.K. NIELSEN & L.M. BLANK (Eds.): Metabolic flux analysis. methods and protocols. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1191) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 225-233.

MURAYA, M.M.: Sorghum genetic diversity. In: WANG, Y.H., H. UPADHYAYA & C. KOLE (Eds.): Genetics, genomics and

breeding of Sorghum. (Series: Genetics, genomics and breeding of crop plants, Boca Raton [u.a.]: CRC Press (2014) 114-140.

VENKATESWARAN, K., M.M. MURAYA, S.L. DWIVEDI & H.D. UPADHYAYA: Wild sorghums – their potential use in crop improvement. In: WANG, Y.H., H. UPADHYAYA & C. KOLE (Eds.): Genetics, genomics and breeding of crop plants, Boca Raton [u.a.]: CRC Press (2014) 56-89.

2015

CASTELLINI, A., C. EDLICH-MUTH, M. MURAYA, C. KLUKAS, T. ALTMANN & J. SELBIG: Towards a graph-theoretic approach to Hybrid Performance Prediction from Large-Scale Phenotypic Data. In: LONES, M., A. TYRRELL, S. SMITH & G. FOGEL (Eds.): Information Processing in Cells and Tissues. 10th International Conference, IPCAT 2015, San Diego, CA, USA, 14–16 September 2015, Proceedings. (Series: Lecture Notes in Computer Science, Vol. 9303) Springer International Publishing (2015) 173-184.

Other Papers

2014

ALTMANN, T.: Standpunkt. Pro. Braucht die Bioökonomie die Grüne Gentechnik? Transcript 20 (2014) 54.

Theses

2014

HEUERMANN, M.: Characterization of the tyrosine aminotransferase gene family in *Arabidopsis thaliana*. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 78 (+7 Anhang) pp.

KNOCH, D.: Metabolic analysis of mature *Arabidopsis thaliana* seeds. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für

Biologie, Halle/S. (2014) 88 (+100 Anhang) pp.

NAUJOKS, C.: Expressionsanalysen des *AT4G00310*-Gens unter Einfluss eines potentiellen epistatischen QTL. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 29 (+18 Anhang) pp.

WOLF, F.: Klonierung und Transformation einer *fum2*-GUS-Promotordeletionsserie in *Arabidopsis thaliana*. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 32 (+42 Anhang) pp.

2015

JEON, H.-J.: Analysis of allelic gene effects in *Arabidopsis thaliana* biomass heterosis and metabolism. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 129 pp.

Research Group Seed Development

Peer Reviewed Papers

2014

PEUKERT, M., J. THIEL, D. PESHEV, W. WESCHKE, W. VAN DEN ENDE, H.P. MOCK & A. MATROS: Spatio-temporal dynamics of fructan metabolism in developing barley grains. Plant Cell 26 (2014) 3728-3744.

RADCHUK, V., Y.V. PIRKO, S.V. ISAYENKOV, A.I. YEMETS & Y.B. BLUME: cDNA library construction from meristematic tissue of finger millet panicle. Cytol. Genet. 48 (2014) 273-278.

SAALBACH, I., I. MORA-RAMÍREZ, N. WEICHERT, F. ANDERSCH, G. GUILD, H. WIESER, P. KOEHLER, J. STANGOULIS, J. KUMLEHN, W. WESCHKE & H. WEBER: Increased grain yield and micronutrient concentration in transgenic winter wheat by ectopic expression of a barley sucrose transporter. J. Cereal Sci. 60 (2014) 75-81.

SEILER, C., V.T. HARSHAVARDHAN, P.S. REDDY, G. HENSEL, J. KUMLEHN, L. ESCHEN-LIPPOLD, K. RAJESH, V. KORZUN, U. WOBUS, J. LEE, G. SELVARAJ & N. SREENIVASULU: Abscisic acid flux alterations result in differential ABA signalling responses and impact assimilation efficiency in barley under terminal drought stress. Plant Physiol 164 (2014) 1677-1696.

THIEL, J.: Development of endosperm transfer cells in barley. Front. Plant Sci. 5 (2014) 108.

TRAN, V., D. WEIER, R. RADCHUK, J. THIEL & V. RADCHUK: Caspase-like activities accompany programmed cell death events in developing barley grains. PLoS One 9 (2014) e109426.

WEIER, D., J. THIEL, S. KOHL, D. TARKOWSKA, M. STRNAD, S. SCHAARSCHMIDT, W. WESCHKE, H. WEBER & B. HAUSE: Gibberellin-to-abscisic acid balances govern development and differentiation of the nucellar projection of barley grains. J. Exp. Bot. 65 (2014) 5291-5304.

2015

KOHL, S., J. HOLLMANN, A. ERBAN, J. KOPKA, D. RIEWE, W. WESCHKE & H. WEBER: Metabolic and transcriptional transitions in barley glumes reveal a role as transitory resource buffers during endosperm filling. J. Exp. Bot. 66 (2015) 1397-1411.

PIELOT, R., S. KOHL, B. MANZ, T. RUTTEN, D. WEIER, D. TARKOWSKÁ, J. ROLČÍK, M. STRNAD, F. VOLKE, H. WEBER & W. WESCHKE: Hormone-mediated growth dynamics of the barley pericarp as revealed by magnetic resonance imaging and transcript profiling. J. Exp. Bot. 66 (2015) 6927-6943.

ZHANG, H.M., S. WHEELER, X. XIA, R. RADCHUK, H. WEBER, C.E. OFFLER & J.W. PATRICK: Differential transcriptional networks associated with key phases of ingrowth wall construction in trans-differentiating epidermal transfer cells of *Vicia faba* cotyledons. BMC Plant Biol. 15 (2015) 103.

Articles in Compilations

2014

GUBATZ, S. & W. WESCHKE: Barley grain: development and structure. In: SHEWRY, P.R. & S. ULLRICH (Eds.): Barley: chemistry and technology, 2nd ed. St. Paul, Minnesota: AACC International Inc. (2014) 11-54.

OLSEN, O.-A. & W. WESCHKE: Genetic and molecular aspects of barley grain development. In: SHEWRY, P.R. & S. ULLRICH (Eds.): Barley: chemistry and technology, 2nd ed. St. Paul, Minnesota: AACC International Inc. (2014) 55-70.

WESCHKE, W. & H. WEBER: Grain development. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 139-159.

Theses

2014

BAU, D.: Einfluss von ambientem und erhöhtem CO₂ auf Phänotyp und Inhaltsstoffe von Winterweizenkörnern: vergleichende Analysen von transgener Hohertrags-Linie HOSUT und nicht-transgener basislinien Certo. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 30 pp.

2015

KOHL, S.: N remobilisation during barley grain filling and the influence of sink-strength alteration in developing wheat grains. (PhD Thesis, kumulativ) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 115 pp.

Research Group Gene Regulation

Peer Reviewed Papers

2014

HARSHAVARDHAN, V.T., L. VAN SON, C. SEILER, A. JUNKER, K. WEIGELT-FISCHER, C. KLUKAS, T. ALTMANN, N. SREENIVASULU, H. BÄUMLEIN & M. KUHLMANN: AtRD22 and AtUSPL1, members of the plant-specific BURP domain family involved in *Arabidopsis thaliana* drought tolerance. PLoS One 9 (2014) e110065.

Theses

2015

BEIE, I.: RKD-Transkriptionsfaktoren als zentrale Regulatoren der Gametophyt-Entwicklung bei *Arabidopsis thaliana*. (Master Thesis) Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg (2015) 61 pp.

HUONG, B.T.M.: EFFECTOR OF TRANSCRIPTION (ET): Novel plant specific epigenetic regulators of reproductive processes act on DNA-methylation. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 94 pp.

Research Group Phytoantibodies

Peer Reviewed Papers

2014

KOLOTILIN, I., E. TOPP, E. COX, B. DEVRIENDT, U. CONRAD, J. JOENSUU, E. STÖGER, H. WARZECHA, T. McALLISTER, A. POTTER, M.D. McLEAN, J.C. HALL & R. MENASSA: Plant-based solutions for veterinary immunotherapeutics and prophylactics. Vet. Res. 45 (2014) 375. Highly accessed.

PHAN, H.T., B. HAUSE, G. HAUSE, E. ARCALIS, E. STÖGER, D. MARESCH, F. ALTMANN, J. JOENSUU & U. CONRAD: Influence of elastin-like polypeptide and hydrophobin on recombinant hemagglutinin accumulations in transgenic tobacco plants. PLoS One 9 (2014) e99347.

SAALBACH, I., I. MORA-RAMÍREZ, N. WEICHERT, F. ANDERSCH, G. GUILD, H. WIESER, P. KOEHLER, J. STANGOULIS, J. KUMLEHN, W. WESCHKE & H. WEBER: Increased grain yield and micronutrient concentration in transgenic winter wheat by ectopic expression of a barley sucrose transporter. J. Cereal Sci. 60 (2014) 75-81.

WEICHERT, N., V. HAUPTMANN, M. MENZEL, K. SCHALLAU, P. GUNKEL, T.C. HERTEL, M. PIETZSCH, U. SPOHN & U. CONRAD: Transglutamination allows production and characterisation of native-sized ELPylated spider silk proteins from transgenic plants. Plant Biotechnol. J. 12 (2014) 265-275.

ZÁBRADY, M., V. HRDINOVÁ, B. MÜLLER, U. CONRAD, J. HEJÁTKO & L. JANDA: Targeted *in vivo* inhibition of specific protein-protein interactions using recombinant antibodies. PLoS One 9 (2014) e109875.

2015

HAUPTMANN, V., M. MENZEL, N. WEICHERT, K. REIMERS, U. SPOHN & U. CONRAD: *In planta* production of ELPylated spidroin-based proteins results in non-cytotoxic biopolymers. BMC Biotechnol. 15 (2015) 9.

HENSEL, G., D.M. FLOSS, E. ARCALIS, M. SACK, S. MELNIK, F. ALTMANN, T. RUTTEN, J. KUMLEHN, E. STÖGER & U. CONRAD: Transgenic production of an anti HIV antibody in the barley endosperm. PLoS One 10 (2015) e0140476.

Other Papers

2014

WEICHERT, N., V. HAUPTMANN & U. CONRAD: Transglutamination enables production and characterisation of native-sized spider silk-ELP fusion proteins from genetically engineered plants. ISB News Report (2014) 5-8.

Theses

2014

HEIGL, F.: Charakterisierung von rekombinanten Antikörpern gegen Chromatinproteine.

(Bachelor Thesis) Universität Regensburg, (2014) 58 pp.

KOCH, F.: Isolation, Modifizierung und Charakterisierung von nanobodies gegen Interleukin-12. (Master Thesis) Friedrich-Schiller-Universität Jena, Biologisch-Pharmazeutische Fakultät, Jena (2014) 47 pp.

PETER, A.-C.: Erzeugung rekombinanter Antikörper gegen das Zentromerprotein CENH3 Alpha. (Bachelor Thesis) Hochschule Emden/Leer, Fachbereich Technik, Emden (2014) 42 pp.

2015

HAUPTMANN, V.: Heterologe Expression hochmolekularer repetitiver Spinnenseiden-basierter Proteine *in planta* sowie deren mechanische und immunologische Charakterisierung. (PhD Thesis, kumulativ) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Halle/S. (2015) 75 pp.

KLEIN, B.: Funktionelle Charakterisierung von F-Box-Fusionsproteinen aus Pflanzen. (Bachelor Thesis) Leibniz-Universität Hannover, Studiengang Pflanzenbiotechnologie, Hannover (2015) 47 pp.

SCHINKÖTHE, A.: Produktion, Reinigung und Analyse von oligomeren Vogelgrippeantigenen in Pflanzen. (Bachelor Thesis) Ernst-Abbe-Hochschule Jena, Fachbereich Medizintechnik/Biotechnologie, Studiengang Biotechnologie, Jena (2015) 38 pp.

Research Group Plant Bioinformatics

Peer Reviewed Papers

2014

BAGHALIAN, K., M.R. HAJIREZAEI & F. SCHREIBER: Plant metabolic modeling: achieving new insight into metabolism and metabolic engineering. Plant Cell 26 (2014) 3847-3866.

KERREN, A. & F. SCHREIBER: Why integrate InfoVis and SciVis?: An example from systems biology. IEEE Comput. Graph. Appl. 34 (2014) 69-73.

KLAPPERSTÜCK, M. & F. SCHREIBER: BioNetLink - an architecture for working with network data. J. Integr. Bioinform. 11 (2014) 241.

KOCH, I., W. REISIG & F. SCHREIBER: Petri nets in the biosciences. it-Information Technology 56 (2014) 43-45.

KUNZE, G., C. GAILLARDIN, M. CZERNICKA, P. DURRENS, T. MARTIN, E. BÖER, T. GABALDÓN, J.A. CRUZ, E. TALLA, C. MARCK, A. GOFFEAU, V. BARBE, P. BARET, K. BARONIAN, S. BEIER, C. BLEYKASTEN, R. BODE, S. CASAREGOLA, L. DESPONS, C. FAIRHEAD, M. GIERBERG, P.P. GIERSKI, U. HÄHNEL, A. HARTMANN, D. JANKOWSKA, C. JUBIN, P. JUNG, I. LAFONTAINE, V. LEH-LOUIS, M. LEMAIRE, M. MARCET-HOUBEN, M. MASCHER, G. MOREL, G.-F. RICHARD, J. RICHEN, C. SACERDOT, A. SARKAR, G. SABEL, J. SCHACHERER, D.J. SHERMAN, N. STEIN, M.-L. STRAUB, A. THIERRY, A. TRAUTWEIN-SCHULT, B. VACHERIE, E. WESTHOF, S. WORCH, B. DUJON, J.-L. SOUCIET, P. WINCKER, U. SCHOLZ & C. NEUVÉGLISE: The complete genome of *Blasotryps (Arxula) adenivorans* LS3 - a yeast of biotechnological interest. Biotechnol. Biofuels 7 (2014) 66.

WALTEMATH, D., F.T. BERGMANN, C. CHAOUIYA, T. CZAUDERNA, P. GLEESON, C. GOBLE, M. GOLEBIEWSKI, M. HUCKA, N. JUTY, O. KREBS, N. LE NOVÈRE, H. MI, I.I. MORARU, C.J. MYERS, D. NICKERSON, B.G. OLIVIER, N. RODRIGUEZ, F. SCHREIBER, L. SMITH, F. ZHANG & E. BONNET: Meeting report from the fourth meeting of the Computational Modeling in Biology Network (COMBINE). Stand. Genomic Sci. 9 (2014) <http://www.standardsingenomics.org/index.php/signet/article/view/527>.

2015

ESCH, M., J. CHEN, C. COLMSEE, M. KLAPPERSTÜCK, E. GRAFAHREND-BELAU, U. SCHOLZ & M. LANGE: LAILAPS - the plant science search engine. Plant Cell Physiol. 56 (2015) e8.

HARTMANN, A. & F. SCHREIBER: Integrative analysis of metabolic models - from structure to dynamics. Front. Bioeng. Biotechnol. 2 (2015) 91.

Articles in Compilations

2014

GRAFAHREND-BELAU, E., A. JUNKER, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Flux balance analysis as an alternative method to estimate fluxes without labeling. (Review). In: DIEUAIDE-NOUBHANI, M. & A.P. ALONSO (Eds.): Plant metabolic flux analysis: methods and protocols. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1090) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 281-299.

KERREN, A. & F. SCHREIBER: Network visualization for integrative bioinformatics. In: CHEN, M. & R. HOFSTÄDT (Eds.): Approaches in integrative bioinformatics: towards the virtual cell. Berlin [u.a.]: Springer (2014) 173-202.

KOHLBACHER, O., F. SCHREIBER & M.O. WARD: Multivariate networks in the life sciences. In: KERREN, A., H.C. PURCHASE & M.O. WARD (Eds.): Multivariate network visualization: Dagstuhl Seminar #13201, Dagstuhl Castle, Germany, May 12-17, 2013. (Series: Lecture notes in computer science, Vol. 8380) Cham [u.a.]: Springer (2014) 61-73.

KRACH, C., A. JUNKER, H. ROHN, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Flux visualization using VANTED/FluxMap. In: KRÖMER, J.O., L.K. NIELSEN & L.M. BLANK (Eds.): Metabolic flux analysis. methods and protocols. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1191) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 225-233.

LOTZ, K., A. HARTMANN, E. GRAFAHREND-BELAU, F. SCHREIBER & B.H. JUNKER: Elementary flux modes, flux balance analysis, and their application to plant metabolism. In: SRIRAM, G. (Ed.): Plant metabolism: methods and protocols. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1083) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 231-252.

ROHN, H. & F. SCHREIBER: Visualization of biological knowledge based on multimodal data. In: ELLOUMI, M. & A.Y. ZOMAYA (Eds.): Biological knowledge discovery handbook: preprocessing, mining and

postprocessing of biological data. (Wiley series on bioinformatics: computational techniques and engineering, Vol. 23) Hoboken, NJ: John Wiley & Sons Ltd. (2014) 1109-1126.

SCHREIBER, F., A. KERREN, K. BÖRNER, H. HAGEN & D. ZECKER: Heterogeneous networks on multiple levels. In: KERREN, A., H.C. PURCHASE & M.O. WARD (Eds.): Multivariate network visualization: Dagstuhl Seminar #13201, Dagstuhl Castle, Germany, May 12-17, 2013. (Series: Lecture notes in computer science, Vol. 8380) Cham [u.a.]: Springer (2014) 175-206.

Editorships

2014

KOCH, I., W. REISIG & F. SCHREIBER (Eds.): it-Information Technology: Vol. 56., No. 2: Special Issue: Petri nets in the biosciences. Oldenbourg Wissenschaftsverlag (2014) 86 pp.

Theses

2014

GRIESSBACH, J.: Erweiterung von Vanted zur Simulation und Visualisierung kinetischer Modelle. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 60 pp.

SCHÖNHERR, I.S.: Assembly and analysis of the transcriptome of the microalga *Scenedesmus vacuolatus*. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 83 pp.

2015

CZAUDERNA, T.: Methoden und Algorithmen für die Systems Biology Graphical Notation. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Informatik der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 161 pp.

Research Group Hybrid Wheat

Peer Reviewed Papers

2014

KEMPE, K., M. RUBTSOVA & M. GILS: Split-gene system for hybrid wheat seed production. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 111 (2014) 9097-9102.

Articles in Compilations

2014

GILS, M., N. SREENIVASULU & A. GRÄNER: Molecular breeding for malting quality. In: SHEWRY, P.R. & S. ULLRICH (Eds.): Barley: chemistry and technology, 2nd ed. St. Paul, Minnesota: AACCI International Inc. (2014) 293-310.

Research Group Image Analysis

Peer Reviewed Papers

2014

CHEN, D., L.Y. FU, Z. ZHANG, G. LI, H. ZHANG, L. JIANG, A.P. HARRISON, H.P. SHANAHAN, C. KLUKAS, H.Y. ZHANG, Y. RUAN, L.L. CHEN & M. CHEN: Dissecting the chromatin interactome of microRNA genes. Nucleic Acids Res. 42 (2014) 3028-3043.

CHEN, D., K. NEUMANN, S. FRIEDEL, B. KILIAN, M. CHEN, T. ALTMANN & C. KLUKAS: Dissecting the phenotypic components of crop plant growth and drought responses based on high-throughput image analysis. Plant Cell 26 (2014) 4636-4655.

HARSHAVARDHAN, V.T., L. VAN SON, C. SEILER, A. JUNKER, K. WEIGELT-FISCHER, C. KLUKAS, T. ALTMANN, N. SREENIVASULU, H. BÄUMLEIN & M. KUHLMANN: AtRD22 and AtUSPL1, members of the plant-specific BURP domain family involved in *Arabidopsis thaliana* drought tolerance. PLoS One 9 (2014) e110065.

KLUKAS, C., D. CHEN & J.M. PAPE: Integrated Analysis Platform: an open-source information system for high-throughput

plant phenotyping. *Plant Physiol.* 165 (2014) 506-518.

2015

GUO, Z., D. CHEN & T. SCHNURBUSCH: Variance components, heritability and correlation analysis of anther and ovary size during the floral development of bread wheat. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 3099-3111.

JUNKER, A., M.M. MURAYA, K. WEIGELT-FISCHER, F. ARANA-CEBALLOS, C. KLUKAS, A.E. MELCHINGER, R.C. MEYER, D. RIEWE & T. ALTMANN: Optimizing experimental procedures for quantitative evaluation of crop plant performance in high throughput phenotyping systems. *Front. Plant Sci.* 5 (2015) 770.

KRAJEWSKI, P., D. CHEN, H. ĆWIEK, A.D.J. VAN DIJK, F. FIORANI, P. KERSEY, C. KLUKAS, M. LANGE, A. MARKIEWICZ, J.P. NAP, J. VAN OEVEREN, C. POMMIER, U. SCHOLZ, M. VAN SCHRIEK, B. USADEL & S. WEISE: Towards recommendations for metadata and data handling in plant phenotyping. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 5417-5427.

MUSCOLO, A., A. JUNKER, C. KLUKAS, K. WEIGELT-FISCHER, D. RIEWE & T. ALTMANN: Phenotypic and metabolic responses to drought and salinity of four contrasting lentil accessions. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 5467-5480.

NEUMANN, K., C. KLUKAS, S. FRIEDEL, P. RISCHBECK, D. CHEN, A. ENTZIAN, N. STEIN, A. GRÄNER & B. KILIAN: Dissecting spatio-temporal biomass accumulation in barley under different water regimes using high-throughput image analysis. *Plant Cell Environ.* 38 (2015) 1980-1996.

RAHAMAN, M.M., D. CHEN, Z. GILLANI, C. KLUKAS & M. CHEN: Advanced phenotyping and phenotype data analysis for the study of plant growth and development. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 619.

SCHILLING, S., L. GRAMZOW, D. LOBBES, A. KIRBIS, L. WEILANDT, A. HOFFMEIER, A. JUNKER, K. WEIGELT-FISCHER, C. KLUKAS, F. WU, Z. MENG, T. ALTMANN & G. THEISSEN: Non-canonical structure, function and phylogeny of the B MADS-box

gene *OsMADS30* of rice (*Oryza sativa*). *Plant J.* 84 (2015) 1059-1072.

YUAN, C., J. WANG, A.P. HARRISON, X. MENG, D. CHEN & M. CHEN: Genome-wide view of natural antisense transcripts in *Arabidopsis thaliana*. *DNA Res.* 22 (2015) 233-243.

Articles in Compilations

2014

CHEN, D., M. CHEN, T. ALTMANN & C. KLUKAS: Bridging genomics and phenomics. In: CHEN, M. & R. HOFSTÄDT (Eds.): Approaches in integrative bioinformatics: towards the virtual cell. Berlin [u.a.]: Springer (2014) 299-333.

2015

CASTELLINI, A., C. EDLICH-MUTH, M. MURAYA, C. KLUKAS, T. ALTMANN & J. SELBIG: Towards a graph-theoretic approach to Hybrid Performance Prediction from Large-Scale Phenotypic Data. In: LONES, M., A. TYRRELL, S. SMITH & G. FOGEL (Eds.): Information Processing in Cells and Tissues. 10th International Conference, IPCAT 2015, San Diego, CA, USA, September 14-16, 2015, Proceedings. (Series: Lecture Notes in Computer Science, Vol. 9303): Springer International Publishing (2015) 173-184.

PAPE, J.M. & C. KLUKAS: Utilizing machine learning approaches to improve the prediction of leaf counts and individual leaf segmentation of rosette plant images. In: TSAFTARIS, S.A., H. SCHARR & T. PRIDMORE (Eds.): Proceedings of the Computer Vision Problems in Plant Phenotyping (CVPPP). BMVA Press (2015) 3.1-3.12.

PAPE, J.M. & C. KLUKAS: 3-D histogram-based segmentation and leaf detection for rosette plants. In: FLEET, D., T. PAJDLA, B. SCHIELE & T. TUYTELAARS (Eds.): Computer Vision – ECCV 2014 Workshops: 13th European Conference, Zurich, Switzerland, September 6-12, 2014, proceedings, part IV (Series: Lecture Notes in Computer Science) Cham: Springer International Publishing Switzerland (2015) 61-74.

Department of Physiology and Cell Biology

Research Group Molecular Plant Nutrition

Peer Reviewed Papers

2014

AHKAMI, A., U. SCHOLZ, B. STEURNAGEL, M. STRICKERT, K.T. HÄNDEL, U. DRUEGE, D. REINHARDT, E. NOURI, N. VON WIRÉN, P. FRANKEN & M.R. HAJIREZAEI: Comprehensive transcriptome analysis unravels the existence of crucial genes regulating primary metabolism during adventitious root formation in *Petunia hybrida*. *PLoS One* 9 (2014) e100997.

ALBAROUKI, E., L. SCHÄFFERER, F.H. YE, N. VON WIRÉN, H. HAAS & H.B. DEISING: Biotrophy-specific downregulation of siderophore biosynthesis in *Colletotrichum graminicola* is required for modulation of immune responses of maize. *Mol. Microbiol.* 92 (2014) 338-355.

ARAYA, T., M. MIYAMOTO, J. WILBOWO, A. SUZUKI, S. KOJIMA, Y.N. TSUCHIYA, S. SAWA, H. FUKUDA, N. VON WIRÉN & H. TAKAHASHI: CLE-CLAVATA1 peptide-receptor signaling module regulates the expansion of plant root systems in a nitrogen-dependent manner. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111 (2014) 2029-2034.

ARAYA, T., N. VON WIRÉN & H. TAKAHASHI: CLE peptides regulate lateral root development in response to nitrogen nutritional status of plants. *Plant Signal. Behav.* 9 (2014) e29302.

BAGHALIAN, K., M.R. HAJIREZAEI & F. SCHREIBER: Plant metabolic modeling: achieving new insight into metabolism and metabolic engineering. *Plant Cell* 26 (2014) 3847-3866.

BAUER, S.N., H. NOWAK, F. KELLER, J. KALLARACKAL, M.R. HAJIREZAEI & E. KOMOR: Accumulation, selection and covariation of amino acids in sieve tube sap of tansy (*Tanacetum vulgare*) and castor bean (*Ricinus communis*): evidence for the function of a basic amino

acid transporter and the absence of a gamma-amino butyric acid transporter. *Physiol. Plant.* 152 (2014) 130-137.

BENKE, A., C. URBANY, J. MARSIAN, R.L. SHI, N. VON WIRÉN & B. STICH: The genetic basis of natural variation for iron homeostasis in the maize IBM population. *BMC Plant Biol.* 14 (2014) 12.

DRUEGE, U., P. FRANKEN, S. LISCHIEWSKI, A.H. AHKAMI, S. ZERCHE, B. HAUSE & M.R. HAJIREZAEI: Transcriptomic analysis reveals ethylene as stimulator and auxin as regulator of adventitious root formation in petunia cuttings. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 494.

GIEHL, R.F. & N. VON WIRÉN: Root nutrient foraging. *Plant Physiol.* 166 (2014) 509-517.

GIEHL, R.F.H., B.D. GRUBER & N. VON WIRÉN: It's time to make changes: modulation of root system architecture by nutrient signals. *J. Exp. Bot.* 65 (2014) 769-778.

HÖLLER, S., M.R. HAJIREZAEI, N. VON WIRÉN & M. FREI: Ascorbate metabolism in rice genotypes differing in zinc efficiency. *Planta* 239 (2014) 367-379.

MONTEOLIVA, M.I., Y.S. RIZZI, N.M. CECCHINI, M.R. HAJIREZAEI & M.E. ALVAREZ: Context of action of proline dehydrogenase (ProDH) in the hypersensitive response of *Arabidopsis*. *BMC Plant Biol.* 14 (2014) 21.

SCHMID, N.B., R.F. GIEHL, S. DÖLL, H.P. MOCK, N. STREHMEL, D. SCHEEL, X. KONG, R.C. HIDER & N. VON WIRÉN: Feruloyl-CoA 6'-Hydroxylase1-dependent coumarins mediate iron acquisition from alkaline substrates in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiol.* 164 (2014) 160-172.

YE, F., E. ALBAROUKI, B. LINGAM, H.B. DEISING & N. VON WIRÉN: An adequate Fe nutritional status of maize suppresses infection and biotrophic growth of *Colletotrichum graminicola*. *Physiol. Plant.* 151 (2014) 280-292.

2015

ARAYA, T., A. BOHNER & N. VON WIRÉN: Extraction of

- apoplastic wash fluids and leaf petiole exudates from leaves of *Arabidopsis thaliana*. Bio-protocol 5 (2015) e1691.
- BOHNER, A., S. KOJIMA, M. HAJIREZAEI, M. MELZER & N. VON WIRÉN: Urea retranslocation from senescing *Arabidopsis* leaves is promoted by DUR3-mediated urea retrieval from leaf apoplast. *Plant J.* 81 (2015) 377-387.
- DIEHN, T.A., B. POMMERENIG, N. BERNHARDT, A. HARTMANN & G.P. BIENERT: Genome-wide identification of aquaporin encoding genes in *Brassica oleracea* and their phylogenetic sequence comparison to *Brassica crops* and *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 166.
- DRECHSLER, N., Y. ZHENG, A. BOHNER, B. NOBMANN, N. VON WIRÉN, R. KUNZE & C. RAUSCH: Nitrate-dependent control of shoot K homeostasis by NPF7.3/NRT1.5 and SKOR in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 169 (2015) 2832-2847.
- GHARECHAH, J., M.R. HAJIREZAEI & G.H. SALEKDEH: Comparative proteomic analysis of tobacco expressing cyanobacterial flavodoxin and its wild type under drought stress. *J. Plant Physiol.* 175 (2015) 48-58.
- HARTMANN, A. & F. SCHREIBER: Integrative analysis of metabolic models - from structure to dynamics. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 2 (2015) 91.
- HÖLLER, S., Y. UEDA, L. WU, Y. WANG, M.R. HAJIREZAEI, M.R. GHAFARI, N. VON WIRÉN & M. FREI: Ascorbate biosynthesis and its involvement in stress tolerance and plant development in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Mol. Biol.* 88 (2015) 545-560.
- JAGADISH, K.S.V., P. KAVI KISHOR, R. BAHUGUNA, N. VON WIRÉN & N. SREENIVASULU: Staying alive or going to die during terminal senescence – an enigma surrounding yield stability. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 1070.
- RAORANE, M.L., I.M. PABUAYON, B. MIRO, R. KALLADAN, M. REZA-HAJIREZAI, R.H. OANE, A. KUMAR, N. SREENIVASULU, A. HENRY & A. KOHL: Variation in primary metabolites in parental and near-isogenic lines of the QTL *qDTY_{12.1}*: altered roots and flag leaves but similar spikelets of rice under drought. *Mol. Breed.* 35 (2015) 138.
- RASMUSSEN, A., S.A. HOSSEINI, M. HAJIREZAEI, U. DRUEGE & D. GEELEN: Adventitious rooting declines with the vegetative to reproductive switch and involves a changed auxin homeostasis. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 1437-1452.
- SUBBARAYAN, K., H. ROLLETSCHEK, A. SENULA, K. ULAGAPPAN, M.-R. HAJIREZAEI & E.R.J. KELLER: Influence of oxygen deficiency and the role of specific amino acids in cryopreservation of garlic shoot tips. *BMC Biotechnol.* 15 (2015) 40.
- XU, M., B.D. GRUBER, E. DELHAIZE, R.G. WHITE, R.A. JAMES, J. YOU, Z. YANG & P.R. RYAN: The barley anion channel, HvALMT1, has multiple roles in guard cell physiology and grain metabolism. *Physiol. Plant.* 153 (2015) 183-193.
- YU, P., K. EGGERT, N. VON WIRÉN, C. LI & F. HOCHHOLDINGER: Cell-type specific gene expression analyses by RNA-Seq reveal local high nitrate triggered lateral root initiation in shoot-borne roots of maize by modulating auxin-related cell cycle-regulation. *Plant Physiol.* 169 (2015) 690-704.
- Articles in Compilations**
- 2014**
- GRUBER, B. & N. VON WIRÉN: Improvement of mineral nutrition: a source and sink of candidate genes. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): *Biotechnological approaches to barley improvement*. (Series: *Biotechnology in agriculture and forestry*, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 101-112.
- Other Papers**
- 2014**
- VON WIRÉN, N.: *Obituary to Prof. Volker Römheld*. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* 177 (2014) 307.
- 2015**
- GIEHL, R.F.H. & N. VON WIRÉN: Nitrate signalling: Functions of a nitrate transceptor. *Nature Plants* 1 (2015) 15021.
- Theses**
- 2014**
- BAUER, B.: *Wirkung unterschiedlicher Stickstoff-Formen auf die Bestockung, den Cyto-kinintransport im Xylem, die Triebreduktion und die Kornqualität in Sommergerste und Winterweizen*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 110 pp.
- GHAFARI, M.R.: *Systems biology-based prediction for biomass formation in barley*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 167 pp.
- KIM, Y.-M.: *Functional characterisation of hexokinase isoforms in tobacco (*Nicotiana tabacum*)*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 89 pp.
- SCHMID, N.: *Identification and characterisation of Arabidopsis genes involved in tolerance to Fe deficiency-mediated chlorosis*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 122 pp.
- 2015**
- EROGLU, S.: *Characterization of MTP8 as a tonoplast Fe/Mn transporter essential for Fe efficiency and for Fe and Mn localization in the subepidermis of *Arabidopsis thaliana**. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2015) 75 pp.
- HOSSEINI, S.A.: *Role of the potassium nutritional status on drought stress-induced leaf senescence in barley*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2015) 92 pp.
- LIVING, T.: *Subcellular network of starch synthesis in maturing embryos of pea *Pisum sativum* L. (Fabaceae)*. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Pharmazie, Halle/S. (2015) 103 pp.
- Patents**
- 2015**
- SHAHINNIA, F., M. HAJIREZAEI & N. VON WIRÉN: *Verfahren zur Stimulierung der Adventivwurzelbildung*. (Patent), Veröffentlichung: 28.05.2015, IPK-Nr. 2012/15. DE102013224009 (2015).
- Research Group Applied Biochemistry**
- Peer Reviewed Papers**
- 2014**
- HUERTA-OCAMPO, J.A., A. BARRERA-PACHECO, C.S. MENDOZA-HERNÁNDEZ, E. ESPITIA-RANGEL, H.P. MOCK & A.P. BARBA DE LA ROSA: Salt stress-induced alterations in the root proteome of *Amaranthus cruentus* L. *J. Proteome Res.* 13 (2014) 3607-3627.
- JANMOHAMMADI, M., H.P. MOCK & A. MATROS: *Proteomic analysis of cold acclimation in winter wheat under field conditions*. *Iceland. Agr. Sci.* 27 (2014) 3-15.
- NEUMANN, G., S. BOTT, M.A. ÖHLER, H.P. MOCK, R. LIPPMANN, R. GROSCH & K. SMALLA: *Root exudation and root development of lettuce (*Lactuca sativa* L. cv. Tizian) as affected by different soils*. *Front. Microbiol.* 5 (2014) 2.

- PEUKERT, M., J. THIEL, D. PESHEV, W. WESCHKE, W. VAN DEN ENDE, H.P. MOCK & A. MATROS: Spatio-temporal dynamics of fructan metabolism in developing barley grains. *Plant Cell* 26 (2014) 3728-3744.
- SCHMID, N.B., R.F. GIEHL, S. DÖLL, H.P. MOCK, N. STREHMEL, D. SCHEEL, X. KONG, R.C. HIDER & N. VON WIRÉN: Feruloyl-CoA 6'-Hydroxylase1-dependent coumarins mediate iron acquisition from alkaline substrates in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiol.* 164 (2014) 160-172.
- TRAUTWEIN-SCHULT, A., D. JAN-KOWSKA, A. CORDES, P. HOFERICHTER, C. KLEIN, A. MATROS, H.P. MOCK, K. BARONIAN, R. BODE & G. KUNZE: *Arxula adenivorans* recombinant guanine deaminase and its application in the production of food with low purine content. *J. Mol. Microbiol. Biotechnol.* 24 (2014) 67-81.
- WITZEL, K., A. MATROS, M. STRICKERT, S. KASPAR, M. PEUKERT, K.H. MÜHLING, A. BÖRNER & H.P. MOCK: Proteomic analysis reveals early modulation of terpenoid and phytohormone metabolism in salt tolerant barley. *Mol. Plant* 7 (2014) 336-355.
- 2015**
- ARENS, N., S. DÖLL & H.P. MOCK: The reproducibility of liquid chromatography separation technology and its potential impact on large scale plant metabolomics experiments. *J. Chromatogr. B Analyt. Technol. Biomed. Life Sci.* 991 (2015) 41-45.
- LIPPMANN, R., S. FRIEDEL, H.P. MOCK & J. KUMLEHN: The low molecular weight fraction of compounds released from immature wheat pistils supports barley pollen embryogenesis. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 498.
- MATROS, A., D. PESHEV, M. PEUKERT, H.P. MOCK & W. VAN DEN ENDE: Sugars as hydroxyl radical scavengers Proof-of-concept by studying the fate of sucralose in *Arabidopsis*. *Plant J.* 82 (2015) 822-839.
- TOHGE, T., Y. ZHANG, S. PETEREK, A. MATROS, G. RALLAPALLI, Y.A. TANDRÓN, E. BUTELLI, K. KALLAM, N. HERTKORN, H.-P. MOCK, C. MARTIN & A.R. FERNIE: Ectopic expression of snapdragon transcription factors facilitates the identification of genes encoding enzymes of anthocyanin decoration in tomato. *Plant J.* 83 (2015) 686-704.
- ZHAO, Y., Z. LI, G. LIU, Y. JIANG, H.P. MAURER, T. WÜRSCHUM, H.P. MOCK, A. MATROS, E. EBMAYER, R. SCHACHSCHNEIDER, E. KAZMAN, J. SCHACHT, M. GOWDA, C.F. LONGIN & J.C. REIF: Genome-based establishment of a high-yielding heterotic pattern for hybrid wheat breeding. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 15624-15629.
- Articles in Compilations**
- 2014**
- ARENS, N., S. DÖLL & H.P. MOCK: LC and LC-MS: techniques and applications. In: MEYERS, R.A. (Ed.): *Encyclopedia of analytical chemistry*. Chichester [u.a.]: John Wiley and Sons, Ltd (2014) 1-9.
- DÖLL, S., R. LIPPMANN & H.P. MOCK: Proteomic approaches to identify cold-regulated soluble proteins. In: HINCHA, D.K. & E. ZUTHER (Eds.): *Plant cold acclimation: methods and protocols*. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1166) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 139-158.
- PEUKERT, M., M. BECKER, A. MATROS & H.P. MOCK: Mass spectrometry based imaging of metabolites and proteins. In: JORRIN-NOVO, J.V., S. KOMATSU, W. WECKWERTH & S. WIENKOP (Eds.): *Plant proteomics: methods and protocols*. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1072) New York [u.a.]: Humana Press (2014) 223-240.
- Additional Publications 2013**
- SVATOŠ, A. & H.-P. MOCK: MALDI mass spectrometric imaging of plants. In: WECKWERTH, W. & G. KAHL (Eds.): *The handbook of plant metabolomics*. (Series: Molecular plant biology handbook) Weinheim: Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA (2013) 93-110.
- Theses**
- 2014**
- MÜLLER, S.: Etablierung und Optimierung einer gaschromatographischen Methode zur Analyse von flüchtigen Verbindungen aus Zuckerrübensaatgut. (Master Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2014) 109 pp.
- Research Group Structural Cell Biology**
- Peer Reviewed Papers**
- 2014**
- DAGHMA, D.E.S., G. HENSEL, T. RUTTEN, M. MELZER & J. KUMLEHN: Cellular dynamics during early barley pollen embryogenesis revealed by time-lapse imaging. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 675.
- DEMIDOV, D., I. LERMONTOVA, O. WEISS, J. FUCHS, T. RUTTEN, K. KUMKE, T.F. SHARBEL, D. VAN DAMME, N. DE STORME, D. GEELLEN & A. HOUBEN: Altered expression of Aurora kinases in *Arabidopsis* results in aneu- and polyploidization. *Plant J.* 80 (2014) 449-461.
- DÜRR, J., I.B. LOLAS, B.B. SORENSSEN, V. SCHUBERT, A. HOUBEN, M. MELZER, R. DEUTZMANN, M. GRASSER & K.D. GRASSER: The transcript elongation factor SPT₄/SPT₅ is involved in auxin-related gene expression in *Arabidopsis*. *Nucleic Acids Res.* 42 (2014) 4332-4347.
- MARZEC, M., M. MELZER & I. SZAREJKO: The evolutionary context of root epidermis cell patterning in grasses (Poaceae). *Plant Signal. Behav.* 9 (2014) e27972.
- MARZEC, M., A. MUSZYŃSKA, M. MELZER, H. SAS-NOWOSIELSKA & E.U. KURCZYŃSKA: Increased symplasmic permeability in barley root epidermal cells correlates with defects in root hair development. *Plant Biol.* 16 (2014) 476-484.
- MUSZYŃSKA, A., K. JAROCKA & E.U. KURCZYŃSKA: Plasma membrane and cell wall properties of an aspen hybrid (*Populus tremula* x *tremuloides*) parenchyma cells under the influence of salt stress. *Acta Physiol. Plant.* 36 (2014) 1155-1165.
- YOUSSEF, H.M., R. KOPPOLU, T. RUTTEN, V. KORZUN, P. SCHWEIZER & T. SCHNURBUSCH: Genetic mapping of the *labile* (*lab*) gene: a recessive locus causing irregular spikelet fertility in *labile*-barley (*Hordeum vulgare* convar. *labile*). *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 1123-1131.
- 2015**
- BATZENSCHLAGER, M., I. LERMONTOVA, V. SCHUBERT, J. FUCHS, A. BERR, M.A. KOINI, G. HOULNÉ, E. HERZOG, T. RUTTEN, A. ALIOUA, P. FRANSZ, A.-C. SCHMIT & M.-E. CHABOUTÉ: *Arabidopsis* MZT1 homologs GIP1 and GIP2 are essential for centromere architecture. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 8656-8660.
- BOHNER, A., S. KOJIMA, M. HAJIREZAEI, M. MELZER & N. VON WIRÉN: Urea retranslocation from senescing *Arabidopsis* leaves is promoted by DUR3-mediated urea retrieval from leaf apoplast. *Plant J.* 81 (2015) 377-387.
- BUDHAGATAPALLI, N., T. RUTTEN, M. GURUSHIDZE, J. KUMLEHN & G. HENSEL: Targeted modification of gene function exploiting homology-directed repair of TALEN-mediated double strand breaks in barley. *G3: Genes Genomes Genetics* 5 (2015) 1857-1863.
- CHITTELA, R.K., M. MELZER & J.K. SAINIS: Comparison of activity of OsDmc1A recombinase of rice (*Oryza sativa*) in presence of Ca²⁺ and Mg²⁺ ions. *Indian J. Biochem. Biophys.* 52 (2015) 161-168.
- HENSEL, G., D.M. FLOSS, E. ARCALIS, M. SACK, S. MELNIK, F. ALTMANN, T. RUTTEN, J. KUMLEHN, E. STÖGER & U. CONRAD: Transgenic production of an anti HIV antibody in the barley endosperm. *PLoS One* 10 (2015) e0140476.
- MARZEC, M., M. MELZER & I. SZAREJKO: Root hair development in the grasses: what we already know and what we still need to know. *Plant Physiol.* 168 (2015) 407-414.

- MARZEC, M. & A. MUSZYŃSKA: *In silico* analysis of the genes encoding proteins that are involved in the biosynthesis of the RMS/MAX/D pathway revealed new roles of strigolactones in plants. *Int. J. Mol. Sci.* 16 (2015) 6757-6782.
- MARZEC, M., I. SZAREJKO & M. MELZER: Arabinogalactan proteins are involved in root hair development in barley. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 1245-1257.
- PIELOT, R., S. KOHL, B. MANZ, T. RUTTEN, D. WEIER, D. TARKOWSKA, J. ROLČÍK, M. STRNAD, F. VOLKE, H. WEBER & W. WESCHKE: Hormone-mediated growth dynamics of the barley pericarp as revealed by magnetic resonance imaging and transcript profiling. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 6927-6943.
- POURSAREBANI, N., T. SEIDENSTICKER, R. KOPPOLU, C. TRAUTIEWIG, P. GAWROŃSKI, F. BINI, G. GOVIND, T. RUTTEN, S. SAKUMA, A. TAGIRI, G.M. WOLDE, H.M. YOUSSEF, A. BATTAL, S. CIANNAMEA, T. FUSCA, T. NUSSBAUMER, C. POZZI, A. BÖRNER, U. LUNDQVIST, T. KOMATSUDA, S. SALVI, R. TUBEROSA, C. UAUY, N. SREENIVASULU, L. ROSSINI & T. SCHNURBUSCH: The genetic basis of composite spike form in barley and *Miracle-Wheat*. *Genetics* 201 (2015) 155-165.
- SCHWARZ, N., U. ARMBRUSTER, T. IVEN, L. BRÜCKLE, M. MELZER, I. FEUSSNER & P. JAHNS: Tissue-specific accumulation and regulation of zeaxanthin epoxidase in Arabidopsis reflect the multiple functions of the enzyme in plastids. *Plant Cell Physiol.* 56 (2015) 346-357.
- TIKHENKO, N., T. RUTTEN, N. TSVETKOVA, A. VOYLOKOV & A. BÖRNER: Hybrid dwarfness in crosses between wheat (*Triticum aestivum* L.) and rye (*Secale cereale* L.): a new look at an old phenomenon. *Plant Biol.* 17 (2015) 320-326.
- Additional Publications 2013**
- SRIVASTAVA, V., O. OBUDULU, J. BYGDELL, T. LÖFSTEDT, P. RYDÉN, R. NILSSON, M. AHNLUND, A. JOHANSSON, P. JONSSON, E. FREYHULT, J. QVARNSTRÖM, J. KARLSSON, M. MELZER, T. MORITZ, J. TRYGG, T.R. HVIDSTEN & G. WINGSLE: OnPLS integration of transcriptomic, proteomic and metabolomic data shows multi-level oxidative stress responses in the cambium of transgenic hpl-superoxide dismutase *Populus* plants. *BMC Genomics* 14 (2013) 893.
- WENIG, U., S. MEYER, R. STADLER, S. FISCHER, D. WERNER, A. LAUTER, M. MELZER, S. HOTH, M. WEINGARTNER & N. SAUER: Identification of MAIN, a factor involved in genome stability in the meristems of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 75 (2013) 469-483.
- Theses**
- 2015**
- BEIE, I.: RKD-Transkriptionsfaktoren als zentrale Regulatoren der Gametophyt-Entwicklung bei *Arabidopsis thaliana*. (Master Thesis) Otto-von-Guericke-Universität, Magdeburg (2015) 61 pp.
- PANDEY, P.: Chromatin modifications during pollen development and pollen embryogenesis in barley. (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S. (2015) 139 pp.
- RÖSSLER, C.: Entwicklungsabhängige morphologische und strukturelle Analyse von Raps (*Brassica napus*) Sprossgeweben unter Bormangelbedingungen. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Studiengang Biotechnologie, Köthen (2015) 95 pp.
- Research Group Plant Reproductive Biology**
- Peer Reviewed Papers**
- 2014**
- DAGHMA, D.E.S., G. HENSEL, T. RUTTEN, M. MELZER & J. KUMLEHN: Cellular dynamics during early barley pollen embryogenesis revealed by time-lapse imaging. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 675.
- EKHVAIA, J., M. GURUSHIDZE, F.R. BLATTNER & M. AKHALKATSIS: Genetic diversity of *Vitis vinifera* in Georgia: relationships between local cultivars and wild grapevine, *V. vinifera* L. subsp. *sylvestris*. *Genet. Resour. Crop Evol.* 61 (2014) 1507-1521.
- GAWROŃSKI, P., R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, N. POURSAREBANI, B. KILIAN, N. STEIN, B. STEUERNAGEL, G. HENSEL, J. KUMLEHN, S.K. SEHGAL, B.S. GILL, P. GOULD, A. HALL & T. SCHNURBUSCH: A distorted circadian clock causes early flowering and temperature-dependent variation in spike development in the *Eps-3A^m* mutant of einkorn wheat. *Genetics* 196 (2014) 1253-1261.
- GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN: True-breeding targeted gene knock-out in barley using designer TALE-nuclease in haploid cells. *PLoS One* 9 (2014) e92046.
- KRUPINSKA, K., S. OETKE, C. DESEL, M. MULISCH, A. SCHÄFER, J. HOLLMANN, J. KUMLEHN & G. HENSEL: WHIRLY1 is a major organiser of chloroplast nucleoids. *Front. Plant Sci.* 5 (2014) 432.
- SAALBACH, I., I. MORA-RAMÍREZ, N. WEICHERT, F. ANDERSCH, G. GUILD, H. WIESER, P. KOEHLER, J. STANGOUKIS, J. KUMLEHN, W. WESCHKE & H. WEBER: Increased grain yield and micronutrient concentration in transgenic winter wheat by ectopic expression of a barley sucrose transporter. *J. Cereal Sci.* 60 (2014) 75-81.
- SEILER, C., V.T. HARSHAVARDHAN, P.S. REDDY, G. HENSEL, J. KUMLEHN, L. ESCHEN-LIPPOLD, K. RAJESH, V. KORZUN, U. WOBUS, J. LEE, G. SELVARAJ & N. SREENIVASULU: Absciscic acid flux alterations result in differential ABA signalling responses and impact assimilation efficiency in barley under terminal drought stress. *Plant Physiol* 164 (2014) 1677-1696.
- VU, G.T., H.X. CAO, K. WATANABE, G. HENSEL, F.R. BLATTNER, J. KUMLEHN & I. SCHUBERT: Repair of site-specific DNA double-strand breaks in barley occurs via diverse pathways primarily involving the sister chromatid. *Plant Cell* 26 (2014) 2156-2167.
- WEIDENBACH, D., M. JANSEN, R. FRANKE, G. HENSEL, W. WEISSGERBER, S. ULFERTS, I. JANSEN, L. SCHREIBER, V. KORZUN, R. PONTZEN, J. KUMLEHN, K. PILLEN & U. SCHAFFRATH: Evolutionary conserved function of barley and Arabidopsis 3-KETOACYL-CoA SYNTHASES in providing wax signals for germination of powdery mildew fungi. *Plant Physiol.* 166 (2014) 1621-1633.
- YANG, P., T. LÜPKEN, A. HABEKUSS, G. HENSEL, B. STEUERNAGEL, B. KILIAN, R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, J. KUMLEHN, U. SCHOLZ, F. ORDON & N. STEIN: *PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE LIKE 5-1* is a susceptibility factor to plant viruses. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111 (2014) 2104-2109.
- YEO, F.K., G. HENSEL, T. VOZÁBOVÁ, A. MARTIN-SANZ, T.C. MARCEL, J. KUMLEHN & R.E. NIKS: Golden SusPrit: a genetically well transformable barley line for studies on the resistance to rust fungi. *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 325-337.
- 2015**
- BUDHAGATAPALLI, N., T. RUTTEN, M. GURUSHIDZE, J. KUMLEHN & G. HENSEL: Targeted modification of gene function exploiting homology-directed repair of TALEN-mediated double strand breaks in barley. *G3: Genes Genomes Genetics* 5 (2015) 1857-1863.
- CHAUHAN, H., R. BONI, R. BUCHER, B. KUHN, G. BUCHMANN, J. SUCHER, L.L. SELTER, G. HENSEL, J. KUMLEHN, L. BIGLER, G. GLAUSSER, T. WICKER, S.G. KRATTINGER & B. KELLER: The wheat resistance gene *Lr34* results in the constitutive induction of multiple defense pathways in transgenic barley. *Plant J.* 84 (2015) 202-215.
- HEMETSBERGER, C., A.N. MUELLER, A. MATEI, C. HERRBERGER, G. HENSEL, J. KUMLEHN, B. MISHRA, R. SHARMA, M. THINES, R. HÜCKELHOVEN & G. DOEHLMANN: The fungal core effector Pep1 is conserved across smuts of dicots and monocots. *New Phytol.* 206 (2015) 1116-1126.
- HENSEL, G., D.M. FLOSS, E. ARCALIS, M. SACK, S. MELNIK, F. ALTMANN, T. RUTTEN, J. KUMLEHN, E. STO-

GER & U. CONRAD: Transgenic production of an anti HIV antibody in the barley endosperm. PLoS One 10 (2015) e0140476.

KARIMI-ASHTIYANI, R., T. ISHII, M. NIESSEN, N. STEIN, S. HECKMANN, M. GURUSHIDZE, A.M. BANAEI-MOGHADDAM, J. FUCHS, V. SCHUBERT, K. KOCH, O. WEISS, D. DEMIDOV, K. SCHMIDT, J. KUMLEHN & A. HOUBEN: Point mutation impairs centromeric CENH3 loading and induces haploid plants. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 112 (2015) 11211-11216.

LIPPMANN, R., S. FRIEDEL, H.-P. MOCK & J. KUMLEHN: The low molecular weight fraction of compounds released from immature wheat pistils supports barley pollen embryogenesis. Front. Plant Sci. 6 (2015) 498.

POURKHEIRANDISH, M., G. HENSEL, B. KILIAN, N. SENTHIL, G. CHEN, M. SAMERI, P. AZHAGUVEL, S. SAKUMA, S. DHANAGOND, R. SHARMA, M. MASCHER, A. HIMMELBACH, S. GOTTWALD, SUDHA K. NAIR, A. TAGIRI, F. YUKUHIRO, Y. NAGAMURA, H. KANAMORI, T. MATSUMOTO, G. WILLCOX, CHRISTOPHER P. MIDDLETON, T. WICKER, A. WALTHER, R. WAUGH, GEOFFREY B. FINCHER, N. STEIN, J. KUMLEHN, K. SATO & T. KOMATSUDA: Evolution of the grain dispersal system in barley. Cell 162 (2015) 527-539.

TANAKA, S., A. DJAMEI, L.L. PRESTI, K. SCHIPPER, S. WINTERBERG, S. AMATI, D. BECKER, H. BÜCHNER, J. KUMLEHN, S. REISSMANN & R. KAHMANN: Experimental approaches to investigate effector translocation into host cells in the *Ustilago maydis*/maize pathosystem. Eur. J. Cell Biol. 94 (2015) 349-358.

Articles in Compilations

2014

KRIJGER, J.-J., E. OLIVEIRA-GARCIA, P. ASTOLFI, K. SOMMERFELD, I. GASE, C. KASTNER, J. KUMLEHN & H.B. DEISING: Discovery of candidate genes for defeating fungal pathogens by host-induced gene silencing (HIGS). In: DEHNE, H.W., H.B. DEISING, B. FRAAIJE, U. GISI, D. HERMANN, A. MEHL, E.C. OERKE, P.E. RUSSELL, G. STAMMLER, K.H. KUCK & H. Lyr (Eds.): Modern fungicides and antifungal

compounds, Vol. VII: 17th International Reinhardtsbrunn Symposium, Friedrichroda, Germany, April 21-25, 2013, proceedings. Braunschweig: Deutsche Phytomedizinische Gesellschaft (2014) 35-45.

KUMLEHN, J.: Haploid technology. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 379-392.

KUMLEHN, J., M. GURUSHIDZE & G. HENSEL: Genetic engineering. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 393-407.

2015

HIEKEL, S., S. SCHEDEL, G. HENSEL, M. GURUSHIDZE, N. BUDHAGATAPALLI & J. KUMLEHN: Synthetic endonucleases: Novel tools for the site-directed genetic modification of plants. In: VAN HUYLENBROECK, J. & E. DHOOGHE (Eds.): Proceedings of the XXV International EUCARPIA Symposium Section Ornamentals: Crossing Borders. (Series: Acta Horticulturae, Vol. 1087) Leuven: ISHS (2015) 71-81.

KUMLEHN, J.: Neue Werkzeuge der Pflanzenzüchtung im Fokus: Programmierbare Endonucleasen. In: STUDER, B., J. KUMLEHN, V. SPAMER, P. AHL-GOY, J. SCHIEMANN, H. GAUGITSCH & C. ERRASS (Eds.): Neue Verfahren in der Pflanzenzüchtung - Nutzen und Herausforderung. Zusammenfassung einer Tagung des Forums Genforschung vom 27. Januar 2015 in Bern, Forum for Genetic Research. Bern, Switzerland: Swiss Academy of Sciences (SCNAT) (2015) 10-11.

MARTHE, C., J. KUMLEHN & G. HENSEL: Barley (*Hordeum vulgare* L.) transformation using immature embryos. In: WANG, K. (Ed.): Agrobacterium protocols, Vol. 1, 3rd edition. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1223) New York: Springer Science+Business Media (2015) 71-83.

OTTO, I., A. MÜLLER & J. KUMLEHN: Barley (*Hordeum vulgare* L.) transformation using embryogenic pollen cultures. In: WANG, K. (Ed.): Agrobacterium protocols, Vol. 1, 3rd edition. (Series: Methods in molecular biology, Vol. 1223) New York: Springer Science+Business Media (2015) 85-99.

Editorships

2014

HOWARD, J.A. & E.E. HOOD (Eds.): Commercial plant-produced recombinant protein products. (Series: WIDHOLM, J., J. KUMLEHN & T. NAGATA (Eds.): Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 68) Berlin Heidelberg: Springer (2014) 281 pp.

KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): Biotechnological approaches to barley improvement. (Series: WIDHOLM, J., J. KUMLEHN & T. NAGATA (Eds.): Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin Heidelberg: Springer (2014) 433 pp.

SONGSTAD, D.D., J.L. HATFIELD & D.T. TOMES (Eds.): Convergence of food security, energy security and sustainable agriculture. (Series: WIDHOLM, J., J. KUMLEHN & T. NAGATA (Eds.): Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 67) Berlin Heidelberg: Springer (2014) 384 pp.

2015

STUDER, B., J. KUMLEHN, V. SPAMER, P. AHL-GOY, J. SCHIEMANN, H. GAUGITSCH & C. ERRASS (Eds.): Neue Verfahren in der Pflanzenzüchtung - Nutzen und Herausforderung. Zusammenfassung einer Tagung des Forums Genforschung vom 27. Januar 2015 in Bern, Forum for Genetic Research. Bern, Switzerland: Swiss Academy of Sciences (SCNAT) (2015) 30 pp.

Other Papers

2014

HENSEL, G. & J. KUMLEHN: Domestikation im Zeitraffer: Wie die Gerste zu mehr Körnern kam. Biologie in unserer Zeit 44 (2014) 11-12.

2015

HENSEL, G.: Süßkartoffel: Ein Beispiel für eine natürlich entstandene transgene Feldfrucht. Biologie in unserer Zeit 45 (2015) 355-355.

Theses

2014

NGWENWO, A.: Establishment and optimization of embryogenic pollen cultures in pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) and maize (*Zea mays* L.). (Master Thesis) Universität Hohenheim, Hohenheim (2014) 40 pp.

2015

GÖHRING, F.: Beeinflussung der Adventivwurzelbildung an Blatt- und Sprossexplantaten von *Nicotiana tabacum* und *N. attenuata*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Köthen (2015) 52 pp.

Research Group Yeast Genetics

Peer Reviewed Papers

2014

GERLACH, T., J. KNAUST, C. KAISER, M. KÖRNER, K. HETTWER, S. UHLIG, K. SIMON, K. BARONIAN & G. KUNZE: Development and assessment of a novel *Arxula adenivorans* androgen screen (A-YAS) assay and its application in analysis of cattle urine. Sci. Total Environ. 490 (2014) 1073-1081.

KUNZE, G., C. GAILLARDIN, M. CZERNICKA, P. DURRENS, T. MARTIN, E. BÖER, T. GABALDÓN, J.A. CRUZ, E. TALLA, C. MARCK, A. GOFFEAU, V. BARBE, P. BARET, K. BARONIAN, S. BEIER, C. BLEYKASTEN, R. BODE, S. CASAREGOLA, L. DESPONS, C. FAIRHEAD, M. GIERSEBERG, P.P. GIERSKI, U. HÄHNEL, A. HARTMANN, D. JANKOWSKA, C. JUBIN, P. JUNG, I. LAFONTAINE, V. LEH-LOUIS, M. LEMAIRE, M. MARCET-HOUBEN, M. MASCHER, G. MOREL, G.-F. RICHARD, J. RICHEN, C. SACERDOT, A. SARKAR, G. SAVEL, J. SCHACHERER, D.J. SHERMAN, N. STEIN, M.-L.

- STRAUB, A. THIERRY, A. TRAUTWEIN-SCHULT, B. VACHERIE, E. WESTHOF, S. WORCH, B. DUJON, J.-L. SOUCIET, P. WINCKER, U. SCHOLZ & C. NEUVÉGLISE: The complete genome of *Blastobotrys (Arxula) adeninivorans* LS3 – a yeast of biotechnological interest. *Biotechnol. Biofuels* 7 (2014) 66.
- LÜPKEN, T., N. STEIN, D. PEROVIC, A. HABEKUSS, A. SERFLING, I. KRÄMER, U. HÄHNEL, B. STEUERNAGEL, U. SCHOLZ, R. ARIYADASA, M.M. MARTIS, K.F.X. MAYER, R.E. NIKS, N.C. COLLINS, W. FRIEDT & F. ORDON: High resolution mapping of the barley *Ryd3* locus controlling tolerance to BYDV. *Mol. Breed.* 33 (2014) 477-488.
- RAUTER, M., J. KASPRZAK, K. BECKER, K. BARONIAN, R. BODE, G. KUNZE & H.M. VORBRDIT: *ADH* from *Rhodococcus ruber* expressed in *Arxula adeninivorans* for the synthesis of 1-(S)-phenylethanol. *J. Mol. Catalysis B-Enzymatic* 104 (2014) 8-16.
- RAUTER, M., J. KASPRZAK, S. DENTER, K. BECKER, K. BARONIAN, R. BODE, G. KUNZE & H.M. VORBRDIT: Reusability of *ADH* and *GDH* producing *Arxula adeninivorans* cells and cell extract for the production of 1-(S)-phenylethanol. *J. Mol. Catalysis B-Enzymatic* 108 (2014) 72-76.
- STÖCKMANN, C., T.G. PALMEN, K. SCHROER, G. KUNZE, G. GELISSEN & J. BÜCHS: Definition of culture conditions for *Arxula adeninivorans*, a rational basis for studying heterologous gene expression in this dimorphic yeast. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.* 41 (2014) 965-976.
- TRAUTWEIN-SCHULT, A., D. JANKOWSKA, A. CORDES, P. HOFERICHTER, C. KLEIN, A. MATROS, H.P. MOCK, K. BARONIAN, R. BODE & G. KUNZE: *Arxula adeninivorans* recombinant guanine deaminase and its application in the production of food with low purine content. *J. Mol. Microbiol. Biotechnol.* 24 (2014) 67-81.
- WILLIAMS, J., A. TRAUTWEIN-SCHULT, D. JANKOWSKA, G. KUNZE, M.A. SQUIRE & K. BARONIAN: Identification of uric acid as the redox molecule secreted by the yeast *Arxula adeninivorans*. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 98 (2014) 2223-2229.
- 2015**
- BISCHOFF, F., K. LITWIŃSKA, A. CORDES, K. BARONIAN, R. BODE, F. SCHAUER & G. KUNZE: Three new cutinases from the yeast *Arxula adeninivorans* that are suitable for biotechnological applications. *Appl. Environ. Microbiol.* 81 (2015) 5497-5510.
- CHAMAS, A., M. GIERBERG, K. FRIEDRICH, F. SONNTAG, D. KUNZE, S. UHLIG, K. SIMON, K. BARONIAN & G. KUNZE: Purification and immunodetection of the complete recombinant HER-2[neu] receptor produced in yeast. *Protein Express. Purif.* 105 (2015) 61-70.
- CHAMAS, A., A. NIETER, H.T. PHAM, M. GIERBERG, K. HETTWER, S. UHLIG, K. SIMON, K. BARONIAN & G. KUNZE: Development of a recombinant *Arxula adeninivorans* cell bioassay for the detection of molecules with progesterone activity in wastewater. *Anal. Bioanal. Chem.* 407 (2015) 8109-8120.
- JANKOWSKA, D.A., A. TRAUTWEIN-SCHULT, A. CORDES, R. BODE, K. BARONIAN & G. KUNZE: A novel enzymatic approach in the production of food with low purine content using *Arxula adeninivorans* endogenous and recombinant purine degradative enzymes. *Bioengineered* 6 (2015) 20-25.
- KUMARI, A., K. BARONIAN, G. KUNZE & R. GUPTA: Extracellular expression of *YILip11* with a native signal peptide from *Yarrowia lipolytica* MSR80 in three different yeast hosts. *Protein Express. Purif.* 110 (2015) 138-144.
- PHAM, H.T.M., M. GIERBERG, L. GEHRMANN, K. HETTWER, J. TIERK, S. UHLIG, G. HANKE, P. WEISSWANGE, K. SIMON, K. BARONIAN & G. KUNZE: The determination of pharmaceuticals in wastewater using a recombinant *Arxula adeninivorans* whole cell biosensor. *Sensors Actuat. B* 211 (2015) 439-448.
- RAUTER, M., A. PROKOPH, J. KASPRZAK, K. BECKER, K. BARONIAN, R. BODE, G. KUNZE & H. VORBRDIT: Coexpression of *Lactobacillus brevis ADH* with *GDH* or *G6PDH* in *Arxula adeninivorans* for the synthesis of 1-(R)-phenylethanol. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 99 (2015) 4723-4733.
- VIJAYAN, V., M. GIERBERG, A. CHAMAS, M. MEHROTRA, V. CHELIKANI, G. KUNZE & K. BARONIAN: Use of recombinant oestrogen binding protein for the electrochemical detection of oestrogen. *Biosens. Bioelectron.* 66 (2015) 379-384.
- Theses**
- 2014**
- JANKOWSKA, D.: Development of an enzyme-based method for production of food with low purine content. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2014) 145 pp.
- JANSEN, J.: Annotation phenolischer Metabolite mittels Isotopenmarkierung und massenspektrometrischer Techniken in Blattextrakten der Zuckerrübe. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2014) 54 pp.
- LEUPELT, A.: Rekombinante Expression und biochemische Charakterisierung zweier Xylosidasen aus *Arxula adeninivorans*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2014) 49 pp.
- MÖRING, J.P.: Expression von humanen Hormonrezeptoren in *Hansenula polymorpha* sowie Untersuchung von Ligand-Rezeptorwechselwirkungen mittels SPR-Verfahren. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2014) 87 pp.
- SEBALD, C.: Artenbestimmung von autochthonen arbuskulären Mykorrhizapilzen mittels RFLP-Analyse. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2014) 60 pp.
- ZIELKE, M.K.: Abdh2p – eine Butandioldehydrogenase für die Synthese von 2,3 Butandiol. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt, Köthen (2014) 70 pp.
- 2015**
- CHAMAS, A.: Development of novel Surface Plasmon Resonance-based biosensors with purified recombinant human HER-2 and progesterone receptor produced in two different yeast species. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2015) 151 pp.
- GERLACH, T.: Entwicklung neuer Testsysteme zur Erfassung östrogen- und androgener Wirkungen im Rahmen der Umweltanalytik. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2015) 134 pp.
- HOFMANN, U.: Konstruktion einer Biokomponente zur Detektion Estrogen-, Androgen- und Glucocorticoid-wirksamer Substanzen, sowie Untersuchung dieser auf ihre Wirksamkeit. (Master Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2015) 71 pp.
- PASITKA, L.: Gentechnische Modifikationen zur Charakterisierung von Butandioldehydrogenasen in *Arxula adeninivorans*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2015) 47 pp.
- RAUTER, M.: Herstellung rekombinanter Alkoholdehydrogenasen in der Hefe *Arxula adeninivorans* und ihre Verwendung für die Synthese enantiomerenreiner Alkohole. (PhD Thesis) Ernst-Moritz-Arndt-Universität, Greifswald (2015) 114 pp.
- STOLPE, S.: Klonierung, Expression und Charakterisierung der Aldehyddehydrogenasen Aald2p und Aald5p aus *Arxula adeninivorans*. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Köthen (2015) 63 pp.
- Patents**
- 2014**
- CORDES, A., G. KUNZE, A. TRAUTWEIN-SCHULT, D. JANKOWSKA, P. HOFERICHTER & C. KLEIN: Verfahren zum enzymatischen Purinabbau (Patent). Veröffentlichung: 27.11.2014, IPK-Nr.2012/04. DE 10 2013 008 875.5 (2014).
- GIERBERG, M. & G. KUNZE: Verbindung und Verfahren zum

Nachweis von Analyten (Patent), Veröffentlichung: 17.07.2014, IPK-Nr. 2012/02. DE102013207146.9 (2014).

Research Group Metalloid Transport

Peer Reviewed Papers

2014

BÁRZANA, G., R. AROCA, G.P. BIENERT, F. CHAUMONT & J.M. RUÍZ-LOZANO: New insights into the regulation of aquaporins by the arbuscular mycorrhizal symbiosis in maize plants under drought stress and possible implications for plant performance. *Mol. Plant Microbe Interact.* 27 (2014) 349-363.

BIENERT, G.P. & F. CHAUMONT: Aquaporin-facilitated transmembrane diffusion of hydrogen peroxide. *Biochim. Biophys. Acta* 1840 (2014) 1596-1604.

BIENERT, G.P., R.B. HEINEN, M.C. BERNY & F. CHAUMONT: Maize plasma membrane aquaporin ZmPIP2;5, but not ZmPIP1;2, facilitates transmembrane diffusion of hydrogen peroxide. *Biochim. Biophys. Acta - Biomembranes* 1838 (2014) 216-222.

CHEVALIER, A.S., G.P. BIENERT & F. CHAUMONT: A new LxxxA motif in the transmembrane helix₃ of maize PIP₂ aquaporins is required for their trafficking to the plasma membrane. *Plant Physiol.* 166 (2014) 125-138.

HEINEN, R.B., G.P. BIENERT, D. COHEN, A.S. CHEVALIER, N. UEHLEIN, C. HACHEZ, R. KALDENHOFF, D. LE THIEC & F. CHAUMONT: Expression and characterisation of plasma membrane aquaporins in stomatal complexes of *Zea mays*. *Plant Mol. Biol.* 86 (2014) 335-350.

2015

DIEHN, T.A., B. POMMERREINIG, N. BERNHARDT, A. HARTMANN & G.P. BIENERT: Genome-wide identification of aquaporin encoding genes in *Brassica oleracea* and their phylogenetic sequence comparison to *Brassica crops* and *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 166.

POMMERREINIG, B., T.A. DIEHN & G.P. BIENERT: Metalloido-porins: Essentiality of Nodulin 26-like intrinsic proteins in metalloid transport. *Plant Sci.* 238 (2015) 212-227.

Theses

2015

RÖSSLER, C.: Entwicklungsabhängige morphologische und strukturelle Analyse von Raps (*Brassica napus*) Sprossgeweben unter Bormangelbedingungen. (Bachelor Thesis) Hochschule Anhalt (FH), Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik, Studiengang Biotechnologie, Köthen (2015) 95 pp.

Independent Research Groups

Research Group Plant Architecture

Peer Reviewed Papers

2014

ALQUDAH, A.M. & T. SCHNURBUSCH: Awn primordium to tipping is the most decisive developmental phase for spikelet survival in barley. *Funct. Plant Biol.* 41 (2014) 424-436.

ALQUDAH, A.M., R. SHARMA, R.K. PASAM, A. GRANER, B. KILIAN & T. SCHNURBUSCH: Genetic dissection of photoperiod response based on GWAS of pre-anthesis phase duration in spring barley. *PLoS One* 9 (2014) e113120.

GARDINER, L.J., P. GAWRONSKI, L. OLOHAN, T. SCHNURBUSCH, N. HALL & A. HALL: Using genic sequence capture in combination with a syntenic pseudo genome to map a deletion mutant in a wheat species. *Plant J.* 80 (2014) 895-904.

GAWRONSKI, P., R. ARIYADASA, A. HIMMELBACH, N. POURSAEBANI, B. KILIAN, N. STEIN, B. STEUERNAGEL, G. HENSEL, J. KUMLEHN, S.K. SEHGAL, B.S. GILL, P. GOULD, A. HALL & T. SCHNURBUSCH: A distorted circadian clock causes early flowering

and temperature-dependent variation in spike development in the *Eps-3A^m* mutant of einkorn wheat. *Genetics* 196 (2014) 1253-1261.

PALLOTTA, M., T. SCHNURBUSCH, J. HAYES, A. HAY, U. BAUMANN, J.G. PAULL, P. LANGRIDGE & S.R. SUTTON: Molecular basis of adaptation to high soil boron in wheat landraces and elite cultivars. *Nature* 514 (2014) 88-91.

PEUKERT, M., J. THIEL, D. PESHEV, W. WESCHKE, W. VAN DEN ENDE, H.P. MOCK & A. MATROS: Spatio-temporal dynamics of fructan metabolism in developing barley grains. *Plant Cell* 26 (2014) 3728-3744.

POURSAEBANI, N., T. NUSSBAUMER, H. ŠIMKOVÁ, J. ŠAFÁŘ, H. WITSENBOER, J. VAN OEVEREN, C. INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING, J. DOLEŽEL, K.F.X. MAYER, N. STEIN & T. SCHNURBUSCH: Whole genome profiling (WGPTM) and shotgun sequencing delivers an anchored, gene-decorated, physical map assembly of bread wheat chromosome 6A. *Plant J.* 79 (2014) 334-347.

TRAN, V., D. WEIER, R. RADCHUK, J. THIEL & V. RADCHUK: Caspase-like activities accompany programmed cell death events in developing barley grains. *PLoS One* 9 (2014) e109426.

YOUSSEF, H.M., R. KOPPOLU, T. RUTTEN, V. KORZUN, P. SCHWEIZER & T. SCHNURBUSCH: Genetic mapping of the *labile (lab)* gene: a recessive locus causing irregular spikelet fertility in *labile*-barley (*Hordeum vulgare* convar. *labile*). *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 1123-1131.

2015

ALQUDAH, A. & T. SCHNURBUSCH: Barley leaf area and leaf growth rates are maximized during the pre-anthesis phase. *Agronomy* 5 (2015) 107-129.

GUO, Z., D. CHEN & T. SCHNURBUSCH: Variance components, heritability and correlation analysis of anther and ovary size during the floral development of bread wheat. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 3099-3111.

GUO, Z. & T. SCHNURBUSCH: Variation of floret fertility in hexaploid wheat revealed by tiller removal. *J. Exp. Bot.* 66 (2015) 5945-5958.

POURSAEBANI, N., T. SEIDENSTICKER, R. KOPPOLU, C. TRAUTWIG, P. GAWRONSKI, F. BINI, G. GOVIND, T. RUTTEN, S. SAKUMA, A. TAGIRI, G.M. WOLDE, H.M. YOUSSEF, A. BATTAL, S. CIANAMEA, T. FUSCA, T. NUSSBAUMER, C. POZZI, A. BÖRNER, U. LUNDQVIST, T. KOMATSUDA, S. SALVI, R. TUBEROSA, C. UAUY, N. SREENIVASULU, L. ROSSINI & T. SCHNURBUSCH: The genetic basis of composite spike form in barley and *Miracle-Wheat*. *Genetics* 201 (2015) 155-165.

Theses

2014

KOPPOLU, R.: Six-rowed spike 4 (*Vrs4*) regulates spike architecture and lateral spikelet fertility in barley (*Hordeum vulgare* L.). (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2014) 150 pp.

2015

ALQUDAH, A.M.: Developmental and genetic analysis of pre-anthesis phases in barley (*Hordeum vulgare* L.). (PhD Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften der Naturwissenschaftlichen Fakultät III, Halle/S. (2015) 169 pp.

Research Group Domestication Genetics

Peer Reviewed Papers

2015

BROWN, R.H., J. SINGH, S. SINGH, L.S. DAHLEEN, P.G. LEMAUX, N. STEIN, M. MASCHER & P. BREGITZER: Behavior of a modified *Dissociation* element in barley: a tool for genetic studies and for breeding transgenic barley. *Mol. Breed.* 35 (2015) 85.

CHAPMAN, J.A., M. MASCHER, A. BULUG, K. BARRY, E. GEORGANAS,

- A. SESSION, V. STRNADOVA, J. JENKINS, S. SEGHAL, L. OLIKER, J. SCHMUTZ, K.A. YELICK, U. SCHOLZ, R. WAUGH, J.A. POLAND, G.J. MUEHLBAUER, N. STEIN & D.S. ROKHSAR: A whole-genome shotgun approach for assembling and anchoring the hexaploid bread wheat genome. *Genome Biol.* 16 (2015) 26.
- COLMSEE, C., S. BEIER, A. HIMMELBACH, T. SCHMUTZER, N. STEIN, U. SCHOLZ & M. MASCHER: BARLEX – the barley draft genome explorer. *Mol. Plant* 8 (2015) 964-966.
- LERMONTOVA, I., M. SANDMANN, M. MASCHER, A.C. SCHMIT & M.E. CHABOUTÉ: Centromeric chromatin and its dynamics in plants. *Plant J.* 83 (2015) 4-17.
- POURKHEIRANDISH, M., G. HENSEL, B. KILIAN, N. SENTHIL, G. CHEN, M. SAMERI, P. AZHAGUVEL, S. SAKUMA, S. DHANAGOND, R. SHARMA, M. MASCHER, A. HIMMELBACH, S. GOTTFELD, SUDHA K. NAIR, A. TAGIRI, F. YUKUHIRO, Y. NAGAMURA, H. KANAMORI, T. MATSUMOTO, G. WILLCOX, CHRISTOPHER P. MIDDLETON, T. WICKER, A. WALTHER, R. WAUGH, GEOFFREY B. FINCHER, N. STEIN, J. KUMLEHN, K. SATO & T. KOMATSUDA: Evolution of the grain dispersal system in barley. *Cell* 162 (2015) 527-539.
- SPANNAGL, M., M. ALAUX, M. LANGE, D. BOLSER, K. BADER, T. LELLIER, E. KIMMEL, R. FLORES, C. POMMIER, A. KERHORNOU, B. WALTERS, T. NUSSBAUMER, C. GRABMULLER, J. CHEN, C. COLMSEE, S. BEIER, M. MASCHER, T. SCHMUTZER, D. AREND, A. THANKI, R. RAMIREZ-GONZALEZ, M. AYLING, S. AYLING, M. CACCAMO, K.F.X. MAYER, U. SCHOLZ, D. STEINBACH, H. QUESNEVILLE & P. KERSEY: transPLANT resources for Triticeae genomic data. *Plant Genome* 9 (2015) 1-13.
- WENDLER, N., M. MASCHER, A. HIMMELBACH, P. JOHNSTON, R. PICKERING & N. STEIN: *Bulbosum* to go: a toolbox to utilise *Hordeum vulgare/ bulbosum* introgressions for breeding and beyond. *Mol. Plant* 8 (2015) 1507-1519.
- ZAKHRABEKOVA, S., C. DOCKTER, K. AHMANN, I. BRAUMANN, S.P. GOUGH, T. WENDT, U. LUNDQVIST, M. MASCHER, N. STEIN & M. HANSSON: Genetic linkage facilitates cloning of *Ert-m* regulating plant architecture in barley and identified a strong candidate of *Ant1* involved in anthocyanin biosynthesis. *Plant Mol. Biol.* 88 (2015) 609-626.
- SEILER, C., V.T. HARSHAVARDHAN, P.S. REDDY, G. HENSEL, J. KUMLEHN, L. ESCHEN-LIPPOLD, K. RAJESH, V. KORZUN, U. WOBUS, J. LEE, G. SELVARAJ & N. SREENIVASULU: Absciscic acid flux alterations result in differential ABA signalling responses and impact assimilation efficiency in barley under terminal drought stress. *Plant Physiol* 164 (2014) 1677-1696.
- DIXIT, S., A. KUMAR BISWAL, A. MIN, A. HENRY, R.H. OANE, M.L. RAORANE, T. LONGKUMER, I.M. PABUAYON, S.K. MUTTE, A.R. VARDARAJAN, B. MIRO, G. GOVINDAN, B. ALBANO-ENRIQUEZ, M. PUEFFELD, N. SREENIVASULU, I. SLAMET-LOEDIN, K. SUNDARVELPANDIAN, Y.C. TSAI, S. RAGHUVANSHI, Y.I. HSING, A. KUMAR & A. KOHLI: Action of multiple intra-QTL genes concerted around a co-localized transcription factor underpins a large effect QTL. *Sci Rep* 5 (2015) 15183.
- JAGADISH, K.S.V., P. KAVI KISHOR, R. BAHUGUNA, N. VON WIRÉN & N. SREENIVASULU: Staying alive or going to die during terminal senescence – an enigma surrounding yield stability. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 1070.
- KAVI KISHOR, P.B., P. HIMA KUMARI, M.S. SUNITA & N. SREENIVASULU: Role of proline in cell wall synthesis and plant development and its implications in plant ontogeny. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 544.
- MARQUES, A., T. RIBEIRO, P. NEUMANN, J. MACAS, P. NOVÁK, V. SCHUBERT, M. PELLINO, J. FUCHS, W. MA, M. KUHLMANN, R. BRANDT, A.L.L. VANZELA, T. BESEDA, H. ŠIMKOVÁ, A. PEDROSA-HARAND & A. HOUBEN: Holocentromeres in *Rhynchospora* are associated with genome-wide centromere-specific repeat arrays interspersed amongst euchromatin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 112 (2015) 13633–13638.
- MEYER, R.C., G. HÖNIG, R. BRANDT, F. ARANA-CEBALLOS, C. NEITSCH, G. REUTER, T. ALTMANN & M. KUHLMANN: Overexpression of *Arabidopsis thaliana ERI*, the homolog of *C. elegans Enhancer of RNA interference*, leads to enhanced growth. *Front. Plant Sci.* 6 (2015) 531.
- POURSAREBANI, N., T. SEIDENSTICKER, R. KOPPOLU, C. TRAUTWIG, P. GAWRONSKI, F. BINI, G. GOVIND, T. RUTTEN, S. SAKUMA, A. TAGIRI, G.M. WOLDE, H.M. YOUSSEF, A. BATTAL, S. CIANAMEA, T. FUSCA, T. NUSSBAUMER, C. POZZI, A. BÖRNER, U. LUNDQVIST, T. KOMATSUDA, S. SALVI, R. TUBEROSA, C. UAUY, N. SREENIVASULU, L. ROSSINI & T. SCHNURBUSCH: The genetic basis of composite spike form in barley and *Miracle-Wheat*. *Genetics* 201 (2015) 155-165.
- RAORANE, M.L., I.M. PABUAYON, B. MIRO, R. KALLADAN, M. REZA-HAJIREZAI, R.H. OANE, A. KUMAR, N. SREENIVASULU, A. HENRY & A. KOHLI: Variation in primary metabolites in parental and near-isogenic lines of the QTL *qDTY_{12.1}*: altered roots and flag leaves but similar spikelets of rice under drought. *Mol. Breed.* 35 (2015) 138.

Articles in Compilations

2014

- GILS, M., N. SREENIVASULU & A. GRANNER: Molecular breeding for malting quality. In: SHEWRY, P.R. & S. ULLRICH (Eds.): *Barley: chemistry and technology*, 2nd ed. St. Paul, Minnesota: AACC International Inc. (2014) 293-310.

- KAVI KISHOR, P.B., R. KALLADAN, P.S. REDDY, C. SEILER & N. SREENIVASULU: Drought stress tolerance mechanisms in barley and its relevance to cereals. In: KUMLEHN, J. & N. STEIN (Eds.): *Biotechnological approaches to barley improvement*. (Series: Biotechnology in agriculture and forestry, Vol. 69) Berlin: Springer (2014) 161-179.

Editorships

2015

- KUHLMANN, M. (Ed.): *Barlomics – omic approaches in the barley field*. Abstractbook of the 2nd IPK Barlomics Summer School 2015. (2015) 64 pp.

Theses

2014

KÖHLER, K.: Methylierungsanalyse von ausgewählten DNA-Bereichen zum Funktionsnachweis von AtET2. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 44 pp.

SCHULZE, C.: Methylierungsanalyse von ausgewählten DNA-Bereichen zum Funktionsnachweis von AtET1. (Bachelor Thesis) Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät I Biowissenschaften, Institut für Biologie, Halle/S. (2014) 37 pp.

Kolloquien, Seminare/Colloquia and Seminars

Gatersleben Lectures

2014

10. Februar 2014
Prof. Toru Fujiwara, Tokyo University, Boron in *Arabidopsis thaliana*: sensing, transport and regulation of growth.
Gastgeber: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

20. März 2014
Prof. David Salt, University Aberdeen, The Genetic Architecture of Natural Ionomic Variation in *Arabidopsis thaliana*.
Gastgeber: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

27. März 2014
Prof. Dr. Dr. Andreas Hensel, Präsident Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) Berlin, Risk assessment and risk communication – The influence on individual risk perception.
Gastgeber: Prof. Dr. Andreas Graner

27. Mai 2014
Prof. Jonathan Wendel, Iowa State University, Jeans, Genes and Genomes: the Mysteries of Polyploidy in Cotton.

Gastgeber: Lala Aliyeva-Schnorr

17. Juni 2014
Dr. Günter R. Fuhr, Professor and Head of the Fraunhofer Institute for Biomedical Engineering (IBMT), Qualified Biobanking – Backbone of the Future Medicine, Biology and Biotechnology.
Gastgeber: Dr. Joachim Keller

11. Juli 2014
Prof. emeritus Ingo Potrykus, ETH Zürich, The bottleneck for GMOs is neither the science, nor the opposition - it is the regulation.
Gastgeber: Prof. Dr. Ingo Schubert

2015

27. Februar 2015
Prof. Dr. Johannes Krause, Max Planck Institute for the Science of Human History, Jena and Department of Archeological Sciences, University of Tübingen, Germany
Ancient Pathogen Genomics: What we learn from historic Epidemics. Gastgeber: Dr. Nils Stein

27. April 2015
Prof. Dr. Markus Grebe, Plant Physiology, Institute of Biochemistry and Biology, University of Potsdam, Potsdam-Golm, Germany
Cytoskeleton and Lipid-Domain Functions in Arabidopsis Planar Polarity
Gastgeber: Prof. Dr. Nicolaus von Wirén

Abteilungs-Seminare/Seminars of the Departments

Vavilov-Seminare/ Vavilov Seminars

2014

20. Februar 2014
A. Prof. Dr. Johannes Novak, Institute for Animal Nutrition and Functional Plant Compounds, University of Veterinary Medicine, Wien, Austria: The Origin of Marjoram.

12. März 2014
Dr. Erwann Arc, Institut für Botanik, Universität Innsbruck, Österreich: A combined proteomic and metabolomic profiling of contrasted states of dormancy in imbibed Arabidopsis seeds.

19. März 2014
Alison A. Powell und Stan Matthews, School of Biological Sciences, University of Aberdeen, Aberdeen, UK: Interpretation of both established and new methods of seed quality assessment in terms of ageing/repair hypothesis.

3. April 2014
Prof. Dr. Wolfgang Link, Breeding Resesrach in Faba Bean, Division of Plant Breeding, Georg-August Universität Göttingen: Winter faba beans for Germany: Creation and analysis of the Göttingen GWAS-set of inbred lines on drought and frost tolerance.

7. Mai 2014
Prof. Dr. Reinhard Töpfer, JKI, Geilweilerhof, Siebeldingen: Grapevine breeding in the post-genome era.

28. Mai 2014
Dr. Anna Artemyeva, N.I. Vavilov Institute of Plant Industry (VIR), St.-Petersburg, Russia: VIR vegetable collection: From Vavilov till nowadays.

26. Juni 2014
Jerome D. Franckowiak, Department of Agriculture, Fisheries and Forestry, Warwick, Queensland, Australia: Breeding Barley for Durable Resistance to Net Form of Net Blotch.

9. Juli 2014
Dr. Charlotte Seal, Seed Conservation Department, Royal Botanic Gardens, Kew, Wakehurst Place, West Sussex, U.K.: Characterisation of seeds for biochemical and functional traits.

20. August 2014
Beat Boller, President EUCARPIA, c/o Eidgenössisches Departement für Wirtschaft, Bildung und Forschung WBF Forschungsanstalt Agroscope, Zürich, Schweiz: Grünes Gold aus grünen Wiesen.

9. November 2014
Dr. Wim Soppe, Department of Plant Breeding and Genetics, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Köln: How do seeds wake up at the right time?

2015

14. Januar 2015
Dr. Loïc Rajjou, Jean-Pierre Bourgin Institute, Versailles Cedex, France: Survey of seed quality using high-throughput *omic* technologies.

28. Januar 2015
Prof. Gunter Backes, Universität Kassel, FB11 – Ökologische Agrarwissenschaften, Witzenhausen: Plant Genetic Resources - Their Importance for Organic Agriculture and Organic Plant Breeding.

4. Februar 2015
Dr. Elisabeth Esch, HILD samen gmbh, Marbach: Entwicklung leistungsfähiger Sorten in der Gemüsezüchtung.

18. Februar 2015
Prof. Olivier Leprince, Institut de Recherche en Horticulture & Semences, Université d'Angers, Agrocampus Ouest, Angers, France: Deciphering seed longevity in legumes.

11. März 2015
Henk W.M. Hilhorst, Wageningen University, Laboratory of Plant Physiology, Wageningen, The Netherlands: Editor-in-Chief Seed Science Research: Do seed dormancy, desiccation tolerance and longevity have a common ancestral origin?

22. April 2015
Dr. Steven Penfield, Department of Crop Genetics, John Innes Centre, Norwich, UK: Parenting in plants: control of seed behaviour by the mother plant.

3. Juni 2015
Khoulood Kywan, IPK, Ag DOK: Analyzing Gene Centres with the Help of the Checklist Method – the Case of Syria.

9. Juli 2015
Dr. Xin Xia, National Genebank of China, Institute

of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China: Plant Germplasm Conservation in China.

22. Juli 2015
Anja Krieger-Liszky, CEA Saclay, Gif-sur-Yvette, France: Production of reactive oxygen species in the chloroplast.

30. September 2015
Arni Bragason, Nordic Genetic Resource Center, Alnarp, Sweden: Nordic collaboration for conservation of genetic resources. Jan T. Svensson: Collections at NordGen. Peer Berg: Projects on genomic selection.

7. Oktober 2015
Dr. S.K. Malik, Tissue Culture & Cryopreservation Unit, National Bureau of Plant Genetic Resources, New Delhi, India: Plant Genetic Resources Conservation Programmes in India: An Overview.

19 Oktober 2015
Dr. Elena K. Khlestkina, Institute of Cytology and Genetics, Russian Academy of Science, Novosibirsk, Russia: Flavonoid biosynthesis regulatory network in Triticeae.

4. November 2015
Prof. Dr. Volker Mohler, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung Freising: Validation of genomic signatures for quality traits in common wheat.

11. November 2015
Prof. Dr. Rod Snowdon, Justus-Liebig-Universität, Giessen: Genome and population structure in a recent polyploid crop: Impact on traits & breeding.

Vavilov-Vortragsabend/Vavilov Lectures

2014

22. April 2014
Dr. Reinhard von Broock, KWS Lochow GmbH, Bergen & Dr. Ulrike Lohwasser, IPK Gatersleben, Genbank: Von der pflanzen genetischen Ressource bis zur bäuerli-

chen Saatgutvermehrung – Bilder und Erfahrungen aus Äthiopien.

2015

6. Mai 2015
Prof. Dr. Ekkehard Höxtermann, Berlin: Elisabeth Schiemann und Hans Stubbe in einem *Historiker(innen)-Streit* um die Gründungsgeschichte des Kaiser-Wilhelm-Instituts für Kulturpflanzenforschung.

Genetische Seminare/ Genetics Seminars

2014

24. Januar 2014
Dr. Rena Sanetomo, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne: Ploidy manipulation and its utilisation in potato.

14. Februar 2014
Prof. Jiming Jiang, University of Wisconsin-Madison, USA: Centromere evolution: A potato model.

25. April 2014
Matej Zábady, Central European Institute of Technology, Masaryk University, Brno, Czech Republic: Recombinant antibodies for *in vivo* applications.

29. April 2014
Prof. Valerie Gaudin, Institute Jean-Pierre Bourgin, Versailles, France: Chromatin dynamics and Polycomb regulation in Arabidopsis.

29. April 2014
Prof. Paul Franz, University of Amsterdam, The Netherlands: Organisation, composition and dynamics of chromocenters in *Arabidopsis thaliana*.

14. Mai 2014
Dr. Thomas Henkel, Leibniz-Institut für Photonische Technologien Jena: Implementation of conventional laboratory work flows in Lab-on-a-Chip Systems - Concepts, Implementation and Application Examples.

22. Mai 2014
Dr. Katja Graumann, Department of Biological and

Medical Sciences, Oxford Brookes University, UK: SUN protein networks at the plant nuclear envelope.

12. Juni 2014
Dr. Michael Seidel, Technische Universität München: Rapid and multiplex analysis of bacteria, viruses, pharmaceuticals or biotoxins by means of chemiluminescence microarrays.

26. Juni 2014
Dr. Delphine Fleury, ACPFG in Adelaide, Australien, Abiotic Stress Tolerance in Cereals at ACPFG.

19. September 2014
Prof. Paul H. Dear, MRC Laboratory of Molecular Biology, Cambridge, UK: Single-molecule approaches to genomics.

30. September 2014
Dr. Tomokazu Kawashima, Gregor Mendel Institute, Vienna Austria: Not only F-actin itself, but also its dynamic movement are essential for fertilization in flowering plants.

7. Oktober 2014
Prof. Luca Comai, Plant Biology and Genome Center, UC Davis, USA: Mechanisms and consequences of CENH3-induced genome elimination.

11. November 2014
Dr. Patrik Mráz, Herbarium PRC & Department of Botany, Charles University in Prague: Polyploidy, hybridisation and apomixis in the *Pilosella alpicola* group (Asteraceae).

1. Dezember 2014
Dr. Dejan Dodig, Small Grains Group, Genetics and Plant Breeding Department, Maize Research Institute, Zemun Polje, Belgrade: Genetic resources exploitation and breeding at the Maize Research Institute Zemun Polje.

5. Dezember 2014
Dr. Mamrutha Madhusudhan, Scientist (Plant Physiology), Directorate of Wheat Research, India: Understanding heat stress tolerance in

wheat using a unique field phenotyping structure.

15. Dezember 2014

Prof. Maurine Neiman, Department of Biology, University of Iowa: Sex in the Wild (and especially in New Zealand).

2015

8. Januar 2015
Dr. Johannes Buyel, Fraunhofer-Institut für Molekularbiologie und Angewandte Ökologie, Aachen: Rational protein purification from transgenic feedstock – tobacco leaf extract as a challenging example.

20. Januar 2015
Dr. Patrick Meirmans, Institute of Biodiversity and Ecosystem Dynamics, University of Amsterdam: The remarkably limited explanatory power of molecular ecology.

5. Februar 2015
Prof. Dr. Jiri Fajkus, Masaryk University, Brno, Czech Republic: Alternative plant telomeres subtitle: Current developments in a story initiated in Gatersleben 20 years ago.

24. Februar 2015
Dr. Ivan F. Acosta, Leiter der Gruppe *Regulation of stamen maturation in barley and Arabidopsis*, Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Köln: Jasmonate signaling in plant reproductive development and defense.

26. Februar 2015
Prof. Dr. Eva Stöger, Institut für Angewandte Genetik und Zellbiologie, BOKU, Wien: The dynamics of cereal storage organelles and their utilisation for recombinant protein production.

16. Februar 2015
Dr. Paul D. Matthews (SS Steiner, Inc.) und Alexander Feiner (Simon H. Steiner, Hopfen, GmbH): Next Generation Sequencing and Metabolite Profiling applied to Hop Crop Improvement.

31. März 2015
Carl-Otto Ottosen, Aarhus

- University, Department of Food Science – Plant, Food & Climate: From dynamic climate management in greenhouses to phenotyping. How to use the responses of the plants? and Eva Rosenqvist, Copenhagen University, Institute of Plant and Environmental Sciences (Crop Science): Chlorophyll fluorescence in stress physiology and phenotyping.
5. Mai 2015
Prof. Dr. Mateus Mondin, CYNGELA – Cytogenomics and Epigenetics Laboratory, Department of Genetics, University of São Paulo, Brazil: Contributions to the understanding of the 45S rDNA array behavior at chromosomal level.
29. Mai 2015
Dr. Doug K. Allen, United States Department of Agriculture – Agriculture Research Service, Donald Danforth Plant Science Center, St. Louis: Using isotopic labeling and metabolic flux analysis to analyze plant seed and leaf metabolism.
8. Juli 2015
Dr. Stefan Heckmann, School of Biosciences, University of Birmingham, United Kingdom: Meiosis in *Arabidopsis* – exploring the link between chromosome axis, synaptonemal complex and crossover formation.
9. Juli 2015
Prof. Dr. Roger Wise, US-DA-ARS Department of Plant Pathology & Microbiology, Iowa State University, Ames, USA: Regulation of host and pathogen gene sets in barley-powdery mildew interactions: Some new insights and some new questions.
14. Juli 2015
Dr. Martina Dvorackova, Masaryk-University, Brno, CZ: Dynamics of ribosomal DNA in *A. thaliana* chaperone mutants.
24. September 2015
Dr. Katie Baker, The James Hutton Institute, Invergowrie Dundee, UK: Investigating the barley epigenome for histone modifications and chromatin states.
5. Oktober 2015
Dr. Lu Ma, School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, UK: An epigenetic explanation for the evolution of obese plant genomes.
28. Oktober 2015
Prof. Dr. Anne Britt, Department Plant Biology, University of California, Davis, USA: Point mutations in a centromeric histone induce post-zygotic incompatibility and uniparental inheritance.
6. November 2015
Dr. K. Sowjanya Sree, Amity Institute of Biotechnology, Amity University Uttar Pradesh, Noida, India: Duckweed as crop plant for the future: Basic and applied research.
- Zellbiologische Seminare/
Cell Biology Seminars**
- 2014**
7. April 2014
Dr. Stefan Martens, Centro Ricerca e Innovazione, Italy: Dihydrochalcone biosynthesis: innovative target for breeding in apple and pear.
30. April 2014
Dr. Shimpei Uraguchi, University of Bayreuth, Germany: Rice breaks ground for cadmium free cereals ~ from lab to fields.
26. Mai 2014
Isidro Abreu Sánchez, University of Bonn, Germany: The old boron deficiency phenotype seen through the Biochemical/molecular microscope.
26. Mai 2014
Dr. Monika Wimmer, Universität of Bonn, Germany: Can we use boronic acids as a tool to investigate boron functions in intact plants?
- 5 Juni 2014
Dr. Keith Baronian, University of Canterbury, New Zealand: Use of Immobilized Recombinant Protein for Rapid Electrochemical Detection of Oestrogen.
27. Juni 2014
Prof. Dr. Andrea Bauer: Hochschule für Angewandte Wissenschaften, Hamburg, Germany: Sensory Evaluation - A Valuable Tool for Developing Gluten-Free Foods.
11. Juli 2014
Dr. Junpei Takano, Research Faculty of Agriculture, Sapporo, Japan: Polar localization and boron-dependent vacuolar trafficking of boric acid/borate transporters in *Arabidopsis thaliana*.
17. November 2014
Dr. Antje Feller, Department of Quality and Nutrition, San Michele all'Adige, Italy: Ellagitannin Biosynthesis- A Pathway to Health.
26. November 2014
Dr. Markus Teige, University of Vienna, Department of Molecular Systems Biology, Faculty of Life Sciences, Austria: Phosphorylation of a bZIP transcription factor triggers metabolic reprogramming in acclimation to low energy stress.
16. Dezember 2014
Dr. Christopher Grefen, Universität Tübingen, Germany: Novel Gateway-based, dual expression vectors - '2in1' - improve in planta protein-protein interaction and secretion analysis.
- 2015**
20. Februar 2015
Prof. Dr. John Morrissey, University College Cork, UK: Developing the yeast *Kluyveromyces marxianus* for cell factory applications.
18. März 2015
Prof. Stanislav Kopriva, University of Köln: Natural variation in Nutrient content in *Arabidopsis* and beyond.
8. Juni 2015
Prof. Javier Abadia, Zaragoza, Spain: Flavins and phenolics in roots of Strategy I plants.
11. Juni 2015
Dr. Keith Baronian, University of Canterbury, New Zealand: Application of biosensors for the detection of hormones in environmental samples and Bacillus spore coat proteins in food.
29. Juni 2015
Dr. Rubén Rellán Álvarez, Langebio, Cinvestav, Irapuato, México: Multidimensional mapping of root responses to soil environmental cues.
13. Juli 2015
Prof. Helmut Sies, Heinrich Heine Universität Düsseldorf: Metabolic H₂O₂ generation - Role in redox signaling and oxidative stress.
27. Juli 2015
Prof. Dr. Wolfgang Dröge-Laser, Universität Würzburg: Low energy signaling in plants: the SnRK1-bZIP connection.
4. September 2015
Prof. Hideki Takahashi, Michigan State University, USA: Regulation of sulfur assimilation pathways - from cells to whole plant systems.
7. September 2015
Dr. Kirstin Gutekunst, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel: An overlooked glycolytic route in cyanobacteria and plants.
23. November 2015
Dr. Kirstin Gutekunst, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel: Non-conventional yeasts for production of biofuels and chemicals.
23. November 2015
Justyna Ruchala, University of Rzeszow, Poland: Metabolic engineering of the thermotolerant yeast *hansenula polymorpha* for construction of the advanced ethanol producer from xylose.
9. Dezember 2015
Susann Mönchgesang, Institute of Plant Biochemistry (IPB) In Halle (Saale): Natural variation of root exudates in *Arabidopsis thaliana* – linking metabolomics and genomics.
10. Dezember 2015
Prof. Dr. Wolfgang Bilger, Botanisches Institut, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel: Photoprotective effects of anthocyanins in leaves.
11. Dezember 2015
Dr. Ales Svatos (Max Planck Institute for Chemical Ecology, Jena: Mass spectrometric imaging of plants, insects

and bacteria. Importance of high resolution.

Waterman-Seminare/ Waterman Seminars

2014

6. März 2014

Anetta Kuczyńska and Hanna Ćwiek, Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Strzeszyńska, Poland: On Standardization of Plant Phenotypic Data.

14. März 2014

Christian Knüpfer, Friedrich-Schiller-University Jena, Institute for Informatics, Jena, Germany: Structure, Behaviour, and Function of Dynamical Models in Systems Biology – Formal Knowledge Representation as a Basis for Computer-Aided Modelling and Simulation.

19. März 2014

Dr. Gunther Viereck, Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN): Research Data Management at the Leibniz Institute for Farm Animal Biology (FBN).

27. März 2014

Dr. Jörg Pilz, Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V., Abteilung Landschaftsinformationssysteme: Forschungsdatenmanagement am Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung.

12. Dezember 2014

Dr. Dan MacLean, The Sainsbury Laboratory, Norwich, United Kingdom: BIG Data in small places.

Vorträge/Lectures

Eingeladene Vorträge auf internationalen Tagungen (Auswahl)/Invited Lectures at International Conferences (Selection)

2014

ALIYEVA, L.: Sizing the genetic and physical centromere of barley chromosomes as a prerequisite of understanding genome evolution in the

genus *Hordeum*. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.

ALTMANN, T.: Genetic and metabolic marker-based prediction of heterotic traits in Arabidopsis and maize. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.

ALTMANN, T.: Plant phenotyping for elucidation of biomass – and metabolite-heterosis in Arabidopsis and maize. – 3rd International Plant Phenotyping Symposium *Phenotyping for Agriculture Sustainability*, Chennai/India, 17.-19.02.2014.

ALTMANN, T.: Molecular / genetic analysis of biomass and metabolite heterosis in Arabidopsis and maize. – 27. Tagung *Molekularbiologie der Pflanzen*, Dabringhausen, 25.-28.02.2014.

ALTMANN, T.: Set-up, use, and upgrading of automated plant phenotyping technology at the IPK. – International Plant Phenotyping Symposium on the Institute Days, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm, 26.-27.06.2014.

ALTMANN, T.: Plant phenotyping for analysis of genetic variation and heterosis of growth and metabolism. – Phytotron Conference 2014 *Analysis of Plants in Controlled Environments*, Helmholtz Zentrum München, Neuherberg, 29.-31.10.2014.

AREND, D., J.CHEN, D. SCHÜLER, U. SCHOLZ & M.LANGE (vorgetragen von LANGE, M.): Data and knowledge engineering in plant genomics. – 3. International Workshop on Translational Bioinformatics and Medical Informatics, Izmir/Turkey, 21.-23.05.2014.

BANAEI MOGHADDAM, A.M.: Drive and gene activity of a selfish chromosome. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.

BANAEI MOGHADDAM, A.M.: Pseudogene formation on the B-chromosome of rye and

their expression. – 3rd International B-chromosome Conference, IPK, Gatersleben, 07.-09.04.2014.

BÖRNER, A., S.LANDJEVA, M.NEGEL, M.A. REHMAN ARIF, M.ALLAM, M. AGACKA, T.DOROSZEWSKA, K.NEUMANN & U. LOHWASSER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) – Maintenance and research. – Scientific Conference *Plant Physiology and Genetics, Achievements and Challenges*, Sofia/Bulgaria, 24.-26.09.2014.

GRANER, A.: Integration of phenomics and genomics: biomass development in barley. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.

GRANER, A.: High density genotyping and phenotyping data: challenges of leveraging novel technologies for the valorization of PGR. – 4th International Workshop on Next Generation Genomics and Integrated Breeding for Crop Improvement, ICRI-SAT, Patancheru/India, 19.-21.02.2014.

GRANER, A.: Innovations and challenges in crop genomics. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.

GRANER, A.: Challenges and opportunities to leverage the value chain of plant genetic resources. – GPZ 2014: Genetic Variation in Plant Breeding, Kiel, 23.-25.09.2014.

GRUBER, B.: Root plasticity as a response to the natural environment. – Annual Plant Biotech Meeting 2014, Copenhagen/Denmark, 29.-30.01.2014.

HARPKE, D.: Perspectives of next-generation sequencing (NGS) in phylogenetic and phylogeographic studies. – International Workshop on Scientific and Technological Cooperation in the Field of Plant Diversity and Biotechnology Between Turkey and Germany. PDPB-2014, Artvin/Turkey, 25.-28.09.2014.

HERRMANN, K.: Analysis of flowering time genes in wild *Hordeum* taxa to infer speciation processes and promote understanding of gene function in barley. – 2. International Symposium on Genetic Variation of Flowering Time Genes and Applications for Crop Improvement, Bielefeld, 24.-26.03.2014.

HOUBEN, A.: Centromere structure meets chromosome biology. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.

HOUBEN, A.: B-chromosome drive. – 3rd International B-chromosome Conference, IPK, Gatersleben, 07.-09.04.2014.

HOUBEN, A.: A so-called silent chromosome speaks-up. – Workshop *Evolution of non-recombining chromosomes and genomes*, Universität zu Lübeck, 15.06.2014.

HOUBEN, A.: Centromere biology meets plant breeding. – Conference *Plant Molecular Cytogenetics in Genomics and Postgenomic Era*, Katowice/Poland, 23.-24.09.2014.

HOUBEN, A.: Structure of holocentric chromosomes. – Cyperacea Workshop, University Londrina/Brazil, 08.12.2014.

JUNKER, A.: High throughput plant phenotyping at IPK: facilities and applications. – COST FA1306 WorkGroup1 Meeting *Phenotyping on a whole-plant-level: from lab to field*, Larnaca/Cyprus, 13.-14.11.2014.

KELLER, E.R.J., M.GRÜBE, M.-R. HAJIREZAEI, M.MELZER, H.P. MOCK, H.ROLLETSCHEK, A. SENULA & K. SUBBARAYAN (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Experience in large-scale cryopreservation and links to applied research for safe storage of plant germplasm. – 29th International Horticultural Congress (IHC2014), Brisbane/Australia, 17.-22.08.2014.

KNÜPFER, H. & S. WEISE (vorgetragen von KNÜPFER, H.): The European Search Portal for Plant Genetic Resources moved to IPK. – CropSustain Workshop *SEEDNet the Way Ahead*, Ljubljana/Slovenia, 05.-06.11.2014.

- KUHLMANN, M.: Contribution of epigenetic gene regulation to grain development. – International Workshop on Grain Quality: from Gene to Table, Los Baños, Laguna, IRRI/Philippines, 01.-03.12.2014.
- KUMLEHN, J.: Haploid and transformation technology in cereals. – 17. Conference of the Genome Research Working Group Crop Genomics and Plant Breeding, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 11.-13.02.2014.
- KUMLEHN, J.: Site-directed genome engineering in barley. – 4th FAO/IAEA Research Coordination Meeting (RCM) on Enhancing the Efficiency of Mutagenesis through an Integrated Biotechnology Pipeline, IAEA Laboratories, Seibersdorf/Austria, 07.-11.04.2014.
- KUMLEHN, J.: Efficient and heritable genome engineering in barley using customized TALE-nucleases. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- KUMLEHN, J.: Genome engineering in barley using TALE nucleases. – 8th Symposium of the Belgian Plant Biotechnology Association *New Breeding Technologies*, Brussels/Belgium, 14.11.2014.
- KUNZE, G.: Biocatalytic potential of yeasts. – 1st YEASTCELL Summer School, University of Milano-Bicocca, Milan/Italy, 30.06.-04.07.2014.
- KUNZE, G.: Licensing an expression technology. – 1st YEASTCELL Summer School, University of Milano-Bicocca, Milan/Italy, 30.06.-04.07.2014.
- Mock, H.P.: Evaluating the genetic diversity of crop plants using *omics* based approaches. – Workshop Fa. Bruker on the 62nd ASMS Conference on Mass Spectrometry and Allied Topics 2014, Baltimore/United States, 15.-19.06.2014.
- PHAN, H.T. & U. CONRAD (vorgetragen von PHAN, H. T.): Production of influenza hemagglutinin in plants. – 1st Conference of the International Society for Plant Molecular Farming (ISPMF), Berlin-Dahlem, 17.-19.06.2014.
- REIF, J.C.: Hybrid breeding in wheat. – 4th International Workshop on Next Generation Genomics and Integrated Breeding for Crop Improvement, ICRISAT, Patancheru/India, 19.-21.02.2014.
- REIF, J.C.: Breaking the yield barrier in wheat. – GPZ 2014: Genetic Variation in Plant Breeding, Kiel, 23.-25.09.2014.
- ROLLETSCHKE, H.: On the metabolic architecture of the developing oilseed rapeseed. – 2nd International Meeting on Plant Primary Metabolism: Synthesis, Storage and Degradation Processes, Heidelberg, 07.-09.05.2014.
- SCHNURBUSCH, T.: Towards the molecular elucidation of row-type genes *six-rowed-spike2 (vrs2)* and *labile (lab)*. – 1st International Workshop on Barley Mutant Research, IPK, Gatersleben, 27.-28.06.2014.
- SCHNURBUSCH, T.: Genetic analysis of pre-flowering development in spring barley. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- SCHOLZ, U.: OPTIMAS-DW: a comprehensive transcriptomics, metabolomics, ionomics, proteomics and phenomics data resource for maize. – Plant Gene Discovery & Omics Technologies, Vienna/Austria, 17.-18.02.2014.
- SCHOLZ, U.: BAC network database – a web-based tool for the visualization of MTP and BAC assemblies in barley. – Mini-Symposium on Novel Applications of Deep Sequencing in Medicine, Genomics, and Biodiversity Research, Halle/S., 07.-08.10.2014.
- SCHUBERT, I.: What to care when interpreting genomic data for karyotype evolution? – 3rd International B-chromosome Conference, IPK, Gatersleben, 07.-09.04.2014.
- SCHUBERT, V.: The organization of Arabidopsis interphase nuclei. – SEB Annual Meeting 2014, Manchester/UK, 01.-04.07.2014.
- SCHWEIZER, P.: Broad-spectrum resistance of barley to powdery mildew – one trait, many genes. – 1st International Workshop on Barley Leaf Diseases, Salsomaggiore Terme/Italy, 03.-06.06.2014.
- SCHWEIZER, P.: Cell wall related pathogen defense in barley – genes and phenotypes. – 5th International Conference on Plant Cell Wall Biology (PCWB2014), Palm Cove/Australia, 27.-31.07.2014.
- SARBEL, T.F.: A potential new approach to seed production. – Agricultural Biotechnology International Conference (ABIC 2014) on Global Leadership in a Changing World, Saskatoon, Saskatchewan/Canada, 05.-08.10.2014.
- STEIN, N.: The map-based sequence of barley is coming along. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.
- STEIN, N.: On the verge of full access to *Triticeae* reference genomes – is there still a need of models for cereal research? – 2014 Monogram Network Meeting, University of Reading, UK, 27.-28.03.2014.
- STEIN, N.: Barley research reloaded – new perspectives on the basis of an improving reference sequence of barley. – Workshop on Structure and Evolution of the Wheat Genome in honor of Prof. Moshe Feldman's 80th Birthday, Rehovot/Israel, 08.-10.04.2014.
- STEIN, N.: Cloning of genes conferring resistance to barley yellow mosaic disease. – RYM workshop, Sapporo/Japan, 12.05.2014.
- STEIN, N.: On the verge of full access to *Triticeae* genomes – still a need for models in cereal research? – RYM workshop, Sapporo/Japan, 12.05.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Plant Genome's Day, CNRGV, Toulouse/France, 04.06.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – 58th SIGA Annual Congress, Alghero, Sardinia/Italy, 15.-18.09.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Mini-Symposium on Novel Applications of Deep Sequencing in Medicine, Genomics, and Biodiversity Research, Halle/S., 07.-08.10.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – 7th International Symposium on Root Development, Weimar, 15.-19.09.2014.
- VON WIRÉN, N.: Nitrogen efficiency in rapeseed. – International Workshop *Genomic selection in rapeseed*, NPZ, Hohenlieth, 19.11.2014.
- VU, G.T.H. & I. SCHUBERT (vorgetragen von VU, G.T.H.): Pathway choice for DNA double-strand break repair in barley. – Conference *Plant Genome Stability and Change*, Asilomar Conference Center Pacific Grove, California/USA, 17.-20.07.2014.
- VU, G.T.H. & I. SCHUBERT (vorgetragen von SCHUBERT, I.): DNA double-strand break repair – linking the molecular with the microscopic level. – CEITEC Annual Conference *Frontiers in Material and Life Sciences*, Brno/Czech Republic, 21.-24.10.2014.
- WEICHERT, N., V. HAUPTMANN & U. CONRAD (vorgetragen von WEICHERT, N.): Spider silk proteins from plants: multimerization strategies and characterisation tools. – 1st Conference of the International Society for Plant Molecular Farming (ISPMF), Berlin-Dahlem, 17.-19.06.2014.
- WEISE, S.: EURISCO – present and future. – Workshop of the ECPGR Documentation and Information Working Group *Tailoring the Documentation of Plant Genetic Resources in Europe to the Needs of the User*, Prague/Czech Republic, 20.-22.05.2014.
- WESCHKE, W.: Transgenic wheat with increased grain yield and accelerated plant development. – International Association for Plant Biotechnology

Congress 2014, Melbourne/Australia, 10.-15.08.2014.

2015

ALTMANN, T.: Plant phenotyping for analysis of genetic variation and heterosis of growth and metabolism. – 1st General Meeting of COST Action FA1306 *The Quest for Tolerant Varieties – Phenotyping at Plant and Cellular Level*, IPK, Gatersleben, 22.-24.06.2015.

ALTMANN, T.: Plant phenotyping for analysis of genetic variation and heterosis of growth and metabolism. – 31st International EUCARPIA Symposium Section Fodder Crops and Amenity Grasses *Breeding in a world of scarcity*, Workshop 2: Phenotyping, Ghent/Belgium, 14.-16.09.2015.

BISCHOFF, F.: Characterization of three new cutinases from the yeast *Arxula adeninivorans*. – ISSY32: Yeast Biodiversity and Biotechnology in the Twenty-first Century, Perugia/Italy, 13.-17.09.2015.

BORISJUK, L.: NMR imaging of lipids in plants and seeds. – 11th GERLI Lipidomics Meeting *Lipids in Agronomy, Health and Disease*, Bischoffsheim/France, 25.-28.10.2015.

BÖRNER, A.: Gene bank management and seed materials reproduction. – 6th Annual International Arab Workshop on Biotechnology *Plant Genetic Resources: Conservation, Documentation and Better Utilization*, Cairo/Egypt, 24.-25.08.2015.

CAO, H.X., G.T.H. VU, W.WANG, K.J. APPENROTH, J. MESSING & I. SCHUBERT (vorgetragen von CAO, H.X.): A new resource for cytogenetic studies in karyotype evolution of duckweeds. – 3rd International Conference on Duckweed Research and Applications, Graduate School of Science, Kyoto University, Kyoto/Japan, 03.-06.07.2015.

FUCHS, J.: 25-fold genome size difference in *Genlisea* – What makes these genomes different? – V4 International Conference Analytical Cytometry VIII, Olomouc/Czech Republic, 03.-06.10.2015.

GIEHL, R.F.H.: Screening a mutant collection of transcription factors for regulators of the shoot ionome. – International Workshop on Plant Ionomics and Nutrient Use Efficiency, Nanjing Agricultural University, Nanjing/China, 12.-14.05.2015.

GIEHL, R.F.H.: Modulation of root architectural traits by nutrient signals: underground opportunities for crop improvement. – SUSTAIN: IUSS Conference on the International Year of Soils, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 23.-26.9.2015.

GRANER, A.: Genetic dissection of biomass development in barley. – Plant and Animal Genome XXIII Conference, San Diego/USA, 10.-14.01.2015.

GRANER, A.: Trait discovery and trait mapping in *ex situ* collections: challenges and opportunities. – 1st General Meeting of COST Action FA1306 *The Quest for Tolerant Varieties – Phenotyping at Plant and Cellular Level*, IPK, Gatersleben, 22.-24.06.2015.

GRANER, A.: Valorization of plant genetic resources: legacy and innovation. – Joint Congress SIBV - SIGA *Feeding the planet: plant science and breeding for the future of agriculture*, Milano/Italy, 08.-11.09.2015.

HAJIREZAEI, M.R.: Improvement of plant tolerance towards nutrient deficiency, abiotic and biotic stress. – 11th Congress of International Plant Molecular Biology (IPMB), Foz do Iguaçu/Brazil, 25.-30.10.2015.

HOUBEN, A.: Genomics – a tool for the analysis of specialized chromosomes. – International Workshop *Phyogeny meets Genomics*, CAS Schwerpunkt Evolutionsbiologie, LMU München, 11.-12.05.2015.

HOUBEN, A.: A point impairs centromeric CENH3 loading and induces haploid plant. – International meeting: Communication in Plants and their Responses to the Environment, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S., 14.-17.05.2015.

HOUBEN, A.: Centromere biology meets plant breeding. – 4th Reuniao Brasileira de Citogenetics, Atibaia/Brazil, 26.-29.05.2015.

HOUBEN, A.: How to perform and to apply chromatin immunoprecipitation (ChIP) in cytogenetics. – 4th Reuniao Brasileira de Citogenetics, Atibaia/Brazil, 26.-29.05.2015.

HOUBEN, A.: Origin and regulation of rye B chromosomes. – EUCARPIA International Conference on Rye Breeding and Genetics, Wroclaw/Poland, 24.-26.06.2015.

HOUBEN, A.: Centromere dynamics and plant breeding. – International Conference of Plant Chromosome Engineering and Functional Genomics in Breeding, Beijing/China, 29.06.-01.07.2015.

HOUBEN, A.: Structure and regulation of holocentric chromosomes. – International Conference Chromosome 2015, Novosibirsk/Russia, 24.-28.08.2015.

HOUBEN, A.: Structure and dynamics of holocentric chromosomes during meiosis. – SPP 1384 Meiosis-Meeting *Mechanisms of Genome Haploidization*, Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik, Dresden, 12.-13.10.2015.

JUNKER, A.: Plant Phenomics at IPK: multi-sensor setups for a comprehensive and integrated analysis of plant phenotypes. – 1st General Meeting of COST Action FA1306 *The Quest for Tolerant Varieties – Phenotyping at Plant and Cellular Level*, IPK, Gatersleben, 22.-24.06.2015.

KELLER, E.R.J. & A. SENULA (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Further development of genebank cryopreservation requiring research activities. Some examples of IPK Gatersleben. – CRYO BIOTECH 2015: International Conference on Low Temperature Science and Biotechnological Advances, New Delhi/India, 27.-30.04.2015.

KUMLEHN, J.: Neue Werkzeuge der Pflanzenzüchtung im Fokus: Programmierbare Endonuk-

leasen. – Swiss Academy of Sciences (SCNAT), Forum for Genetic Research, Bern/Schweiz, 27.01.2015.

KUMLEHN, J.: Synthetic endonucleases: novel tools for site-directed genetic modification of plants. – XXV International EUCARPIA Symposium, Section Ornamentals, Melle/Belgium, 29.06.-02.07.2015.

KUMLEHN, J.: Genome engineering – from site-directed mutagenesis to precise genome editing. – Ag-Bio Congress on Plant Breeding, Amsterdam/The Netherlands, 02.-04.12.2015.

KUNZE, G.: Metabolic engineering of *Arxula adeninivorans* – basis tool for the yeast with biotechnological potential. – Second YEASTCELL Summer School, Frankfurt/Main, 23.-25.08.2015.

KUNZE, G.: *Arxula adeninivorans* – a suitable biocatalyst for new biotechnological products. – ISSY32: Yeast Biodiversity and Biotechnology in the Twenty-first Century, Perugia/Italy, 13.-17.09.2015.

LERMONTOVA, I.: The centromeric histone H3 variant cenH3 – from basic research to agricultural application. – Plant Genomics Congress, London/UK, 11.-12.05.2015.

LOHWASSER, U. & A. BÖRNER (vorgetragen von LOHWASSER, U.): Medicinal and aromatic plants in genebank collections – maintenance and research. – 54th Tützing Symposium 2015 *Sustainable Phyto Extracts – Trends, Perspectives and Visions*, Tützing, 27.-30.09.2015.

MALAK, A.: Tannic acid degradation in *Arxula adeninivorans* – characterisation of the degradation pathway and biotechnological application of the involved enzyme. – Annual Conference 2015 of the Association for General and Applied Microbiology, Marburg, 01.-04.03.2015.

MALAK, A.: Heterologous expression and characterisation of genes involved in the tannic acid degradation pathway from *Arxula adeninivorans* in *Sacharomyces cerevisiae*. – Second YEASTCELL Sum-

- mer School, Frankfurt/Main, 23.-25.08.2015.
- MOCK, H.P.: Proteomics to evaluate genetic resources for stress defense responses. – Proteomic Forum 2015, Technische Universität, Berlin, 22.-25.03.2015.
- NEUMANN, K.: Imaging genetic – image-based biomass assessment in a spring barley collection for genome-wide associations. – PhenoDays 2015, München, Freising, 28.-30.10.2015.
- REIF, J.C.: Hybrid breeding in wheat. – Wheat Initiative Research Committee Meeting, Milan/Italy, 04.06.2015.
- REIF, J.C.: Hybrid breeding in wheat. – BreedWheat, International Wheat Innovation Workshop, Clermont-Ferrand/France, 16.-17.11.2015.
- SCHNURBUSCH, T.: Genetic analysis of pre-anthesis phase duration in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). – Plant and Animal Genome XXIII Conference, Triticeae 1 Workshop, San Diego/USA, 10.-14.01.2015.
- SCHNURBUSCH, T.: Adaptation genetics in barley. – 17th Australian Barley Technical Symposium, Novotel Manly Pacific, Manly, Sydney/Australia, 14.09.2015.
- SCHOLZ, U.: How can a warehouse manage your wheat-(data)? – BreedWheat, International Wheat Innovation Workshop, Clermont-Ferrand/France, 16.-17.11.2015.
- SCHWEIZER, P.: Second-generation biotech approaches for durable disease resistance in cereals. – 14th International Cereal Rust and Powdery Mildew Conference 2015, Helsingør/Denmark, 05.-08.07.2015.
- SCHWEIZER, P.: Gene- and biotechnology-driven approaches to durable pathogen resistance in cereals. – XVIII. International Plant Protection Congress (IPPC) 2015, Berlin, 24.-27.08.2015.
- SHARBEL, T.F.: Why sex and agriculture conflict: evolutionary omics approaches to developing asexual (apomictic) seed production. – Systems Biology Workshop, Melbourne/Australia, 18.-27.05.2015.
- SHARBEL, T.F.: Identifying apomixis factors in naturally-occurring asexual plant populations. – 61st Brazilian Congress of Genetics, Águas de Lindoia, São Paulo/Brazil, 08.-11.09.2015.
- SHARBEL, T.F.: Identifying apomixis factors in naturally-occurring asexual plant populations. – 11th Congress of International Plant Molecular Biology (IPMB), Foz do Iguaçu/Brazil, 25.-30.10.2015.
- STEIN, N.: *Hordeum bulbosum* – genetic resources for barley crop improvement revisited. – Plant and Animal Genome XXIII Conference, San Diego/USA, 10.-14.01.2015.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – 5th International Conference on Next Generation Genomics and Integrated Breeding for Crop Improvement (NGGIB-CI-2015), Hyderabad/India, 18.-20.02.2015.
- STEIN, N.: The barley genome sequence: progress and impact for research and crop improvement. – 3rd Plant Genomics Congress Europe, London/UK, 11.-12.05.2015.
- STEIN, N.: New opportunities for G2P analysis in barley facilitated by a map-based genome sequence. – 1st Molecular Plant International Symposium *From Model Species to Crops*, Shanghai/China, 05.-08.08.2015.
- STEIN, N.: New opportunities for G2P analyses based on a map-based draft reference sequence of the barley genome. – Agricultural Genomics 2015 – from Variation to Improved Production, Shenzhen/China, 16.-18.11.2015.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Ruperto-Carola Symposium on Plant-Environment Interactions, Universität Heidelberg, 04.-06.05.2015.
- VON WIRÉN, N.: Ionomics and root plasticity changes in response to nutrient signals. – 26th International Conference on Arabidopsis Research, Paris/France, 05.-09.07.2015.
- VON WIRÉN, N.: Contribution of apoplastic and symplastic pathways to radial nutrient transport in roots. – 11th Congress of International Plant Molecular Biology (IPMB), Foz do Iguaçu/Brazil, 25.-30.10.2015.
- VU, G.T.H., B. REISS, K. WATANABE, G. HENSEL, J. KUMLEHN, H.X. CAO & I. SCHUBERT (vorgetragen von SCHUBERT, I.): Double-strand break repair and gene targeting in barley. – International Conference of Plant Chromosome Engineering and Functional Genomics in Breeding, Beijing/China, 29.06.-01.07.2015.
- Weitere Vorträge/
Other Lectures**
- 2014**
- AGACKA, M., M. NAGEL, T. DOROSZEWSKA, F.R. HAY, R.S. LEWIS & A. BÖRNER (vorgetragen von AGACKA, M.): Seed live span in *Nicotiana* – genetic variation and molecular mapping. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- ALIYEVA-SCHNOOR, L.: Sizing the genetic and physical centromere of barley chromosomes. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- ALQUDAH, A.M.: Genetic analysis of pre-anthesis phase duration in spring barley. – 12th Annual BarleyGenomeNet Meeting, University of Modena and Reggio Emilia, Reggio Emilia/Italy, 10.-11.12.2014.
- ALTMANN, T.: OPTIMAL – genetic and biomarker-based predictive breeding of maize cultivars. – PLANT 2030 Status Seminar 2014, Potsdam, 31.03.-02.04.2014.
- ALTMANN, T.: DPPN @ IPK Gatersleben. – PLANT 2030 Status Seminar 2014, Potsdam, 31.03.-02.04.2014.
- ALTMANN, T.: Innovation Pflanzenzüchtung – Leistungsvorhersage mittels tiefer genetischer und biologischer Markerinformationen. – 25. Hülseberger Gespräche, Lübeck, 21.-23.05.2014.
- ALTMANN, T.: DPPN @ IPK Gatersleben. – Helmholtz Zentrum München, Neuherberg, 09.-10.07.2014.
- ALTMANN, T.: Die Pflanzenkulturenhalle des IPK Gatersleben – Konzept, Umsetzung, Ausblick. – IPK, Gatersleben, 12.09.2014.
- ALTMANN, T.: Genetic variation and heterosis of plant growth and metabolism. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- ALTMANN, T.: Genetic variation and heterosis of plant growth and metabolism. – IPK-CAU bilateral workshop, CAU, Beijing/China, 23.10.2014.
- ARENS, N. & H.-P. MOCK (vorgetragen von ARENS, N.): Molecular response of sugar beet to modified light conditions within the frame of the pathosystem *Cercospora beticola*. – 1. Eduard Strasburger-Workshop der Deutschen Botanischen Gesellschaft, Nürnberg, 21.-23.09.2014.
- BÄUMLEIN, H.: Gentechnik bei Pflanzen – Chancen und Risiken. – Universität Leipzig, 31.03.2014.
- BÄUMLEIN, H.: Agrogentechnik. – Melanchthonianum, Halle/S., 10.04.2014.
- BERNHARDT, N., X. DONG, E.-M. WIL-LING, K. SCHNEEBERGER, B. KILIAN & F.R. BLATTNER (vorgetragen von BERNHARDT, N.): Phylogenetic analysis of Hordeae: sequence capture of 400 single-copy genes and Illumina sequencing. – BioDivEvo2014: Joint Conference of the Society of Biological Systematics and the German Botanical Society, Dresden, 24.-27.03.2014.
- BIENERT, G.P.: Genotypic differences in boron efficiency in *Brassica napus* and their underlying molecular mechanisms. – Plant Nutrition 2014 – From Basic Understanding to Better Crops, International Conference of the DGP, Halle/S., 10.-12.09.2014.
- BLATTNER, F.R.: *Hordeum* – an overview. – Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 17.02.2014.

- BLATTNER, F.R.: Phylogeny of *Triticum* and *Aegilops*: NGS of 250 captured nuclear single-copy genes. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-09.10.2014.
- BÖRNER, A.: Pflanzengenetische Ressourcen für Ernährung und Landwirtschaft – Erhaltung und Forschung. – AGES – Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit, Abteilung Pflanzengenetische Ressourcen, Linz/Österreich, 29.01.2014.
- BÖRNER, A.: Wie lassen sich die pflanzengenetischen Ressourcen für künftige Generationen erhalten? – Die Genbank für Kulturpflanzen und verwandte Wildarten in Gatersleben. – Museum für Naturkunde, Magdeburg, 20.03.2014.
- BÖRNER, A.: Genbanken für landwirtschaftliche und gärtnerische Kulturpflanzen – Erhaltung und Nutzbarmachung der Sammlungen. – Abschlusstagung Genbank WEL, Regensburg, 29.-30.04.2014.
- BÖRNER, A.: Plant genetics resources for food and agriculture – maintenance and research. – Mendel University, Brno/Czech Republic, 26.05.2014.
- BÖRNER, A., E.K. KHELESTKINA, M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, M. ALLAM, M. AGACKA, T. DOROSZEWSKA, K. NEUMANN & U. LOHWASSER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Plant genetic resources – the basis for breeding and research. – VI Congress of Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Rostov/Russia, 15.-20.06.2014.
- BÖRNER, A.: Conservation and utilisation of plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) – The German view. National Genebank. – Beijing/China, 12.09.2014.
- BÖRNER, A., M. NAGEL, M. ALLAM, M. AGACKA & U. LOHWASSER (vorgetragen von BÖRNER, A.): Seed storage in *ex situ* genebanks – inter- and intraspecific variation and genetic determination. – 11th Conference of the International Society for Seed Science (ISSS), Changsha/China, 15.-19.09.2014.
- BÖRNER, A.: Seed storage in *ex situ* Gene Bank – determinants of longevity. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-09.10.2014.
- BÖRNER, A.: The maintenance and exploitation of plant genetic resources for food and agriculture. – University of Life Sciences, Lublin/Poland, 13.10.2014.
- BÖRNER, A.: Methoden zur Überprüfung der Keimfähigkeit von Saatgut. – 2. Netzwerksitzung *Terahertz Phase 2*, DSV, Asendorf, 23.10.2014.
- BÖRNER, A.: Seed banking – state of the art. – 65. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Gumpenstein/Österreich, 24.-26.11.2014.
- BÖRNER, A.: A short overview of the genetic resources at the IPK genebank and efforts to use these resources. – GGG Veranstaltung *Nutzung genetischer Ressourcen bei Weizen für die Pflanzenzüchtung*, Green Gate Gatersleben, 03.12.2014.
- BRASSAC, J. & F.R. BLATTNER (vorgetragen von BRASSAC, J.): Supermatrix or coalescent-based phylogenies? Analysis of next-generation sequenced multilocus data in *Hordeum* (Poaceae). – BioDivEvo2014: Joint Conference of the Society of Biological Systematics and the German Botanical Society, Dresden, 24.-27.03.2014.
- CLEMENZ, C., M. RICHTER, M. MÄNNEL, N. GAFAFAR, R. RETHFELDT, F. FLEISCHER, U. SCHMIDT, U. LOHWASSER, A. BÖRNER & C. VOLKMAR (vorgetragen von CLEMENZ, C.): Assoziationsstudie zur Prüfung von Winter- und Sommerweizensortimenten auf Anfälligkeit gegenüber Schadinsekten. – 59. Deutsche Pflanzenschutztagung, Freiburg, 23.-26.09.2014.
- COLMSEE, C.: BAC network database – a web-based tool for the visualisation of MTP and BAC assemblies in barley. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- CONRAD, U.: Nanobodies – isolation, plant based expression, purification and functional characterisation *in vitro* and *in vivo*. – Institut für Wasserchemie und Balneologie, Technische Universität München, 19.05.2014.
- DEHMER, K.J.: Die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (GLKS) als Teilsammlung der IPK-Genbank. – Vortrag vor den deutschen Fachreferenten für Pflanzengesundheit, Groß Lüsewitz, 20.05.2014.
- DEHMER, K.J., K. FLATH, T. HAMMANN, J. KRUSE & A. SCHLICHTING (vorgetragen von DEHMER, K.J.): Phenotyping for enhanced utilisation – IPK's potato genetic resources as source for new and improved breeding traits. – 19th Triennial Conference of the EAPR, Brussels/Belgium, 06.-11.07.2014.
- DEHMER, K.J.: Projektpartner IPK – das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung. – Feldtag des Ökokartoffel-Projektes, Schrobenehausen, 17.07.2014.
- DIEKMANN, K., E. WILLNER & K.J. DEHMER (vorgetragen von DIEKMANN, K.): The Genebank of the IPK Gatersleben and its Satellite Collections North in Mecklenburg Western Pomerania – tasks and areas of research; ideas of application regarding low temperature plasma technology. – INP Greifswald, 25.02.2014.
- DIEKMANN, K., K. LÖSCHNER, M. GRÜBE, A. BRANDENBURG & K.J. DEHMER (vorgetragen von DIEKMANN, K.): Molecular investigations of IPK's potato collections at a large scale. – 19th Triennial Conference of the EAPR, Brussels/Belgium, 06.-11.07.2014.
- DIEKMANN, K., K. LÖSCHNER, M. GRÜBE & K.J. DEHMER (vorgetragen von DIEKMANN, K.): Entwicklung von *Phytophthora*-resistentem Kartoffelzüchtmaterial für den ökologischen Landbau. – GFP Jahrestagung, Abteilung Kartoffeln, Bonn, 05.11.2014.
- DOUCHKOV, D., A. HIMMELBACH & P. SCHWEIZER (vorgetragen von SCHWEIZER, P.): Receptor-like kinases affecting responses in barley and wheat to adapted and non-adapted powdery mildew fungi. – XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, Rhodes/Greece, 06.-10.07.2014.
- FUCHS, J.: Up and down in the genome (size) evolution of the carnivorous genus *Genlisea* – characterisation of two species at both ends of the scale. – University of Vienna, Vienna/Austria, 24.11.2014.
- GRANER, A.: Moderne Pflanzenzüchtung: Evolution im Zeitraffer. – Tag der offenen Tür, IPK, Gatersleben, 17.05.2014.
- GRANER, A.: Panel discussion *The Role of Plant Genetic Resources for Food Security and Sustainable Agriculture*. – The Global Diversity Trust, Berlin, 11.06.2014.
- GRANER, A.: Das IPK an der Schnittstelle zwischen Wissenschaft und Wirtschaft. – Workshop zum Technologietransfer am IPK, Gatersleben, 27.08.2014.
- GRANER, A.: Current developments in genome research of barley and the genetic dissection of malting quality. – 101. Oktobertagung der VLB, Internationale Tagung für die Brauwirtschaft, Berlin, 29.-30.09.2014.
- GRANER, A.: *The Federal ex situ Genebank*: a platform for conservation and knowledge-based valorization of plant genetic resources. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- GRANER, A.: The Federal *ex situ* Genebank: a platform for management and knowledge-based valorization of plant genetic resources. – IPK-CAU bilateral workshop, CAU, Beijing/China, 23.10.2014.
- GRANER, A.: Managing and utilising genetic diversity. – Molecular Breeding Workshop, KWS, Einbeck, 25.11.2014.
- GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): Inheritance and diversification of TALEN-induced mutations in barley. – International Conference *Plant Transformation Techno-*

- logies III, Vienna/Austria, 12.-15.02.2014.
- GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): Site-directed mutagenesis in barley using customized TALE-nucleases. – 1st International Workshop on Barley Mutant Research, IPK, Gatersleben, 27.-28.06.2014.
- GURUSHIDZE, M., G. HENSEL, S. HIEKEL, S. SCHEDEL, V. VALKOV & J. KUMLEHN (vorgetragen von HENSEL, G.): True-breeding targeted gene knock-out in barley using designer TALE-nuclease in haploid cells. – International Association for Plant Biotechnology Congress 2014, Melbourne/Australia, 10.-15.08.2014.
- HAJIREZAEI, M.R.: Improvement of rooting ability of ornamental plants by understanding the underlying biological mechanisms: *Petunia* as a model system for biotechnological applications. – Zentrum Holzwirtschaft, Universität Ham-burg, 16.10.2014.
- HENSEL, G., S. SAKUMA, M. POURKHEIRANDISH, N. STEIN, T. KOMATSUDA & J. KUMLEHN (vorgetragen von HENSEL, G.): Restoration of lateral spikelet fertility in two-rowed barley by RNA-interference of *Vrs1*. – International Association for Plant Biotechnology Congress 2014, Melbourne/Australia, 10.-15.08.2014.
- HENSEL, G.: Genetic engineering of cereals – basic methods and new applications by designer nuclease-mediated gene targeting. – Department of Molecular Biology, Palacký University, Olomouc/Czech Republic, 18.11.2014.
- HIMMELBACH, A.: Status of the map-based sequencing of the barley genome. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.
- HOUBEN, A.: Biology and evolution of B chromosomes. – University of Georgia, Georgia/USA, 04.09.2014.
- HOUBEN, A.: Cytogenetics meets plant breeding – generation of a novel haploid inducer. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- HOUBEN, A.: Centromere biology meets plant breeding. – IGDB -IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- HOUBEN, A.: Biology and evolution of B chromosomes. – UC Davis, Davis/USA, 29.10.2014.
- HOUBEN, A.: Centromere biology meets plant breeding. – University Recife, Recife/Brazil, 26.11.2014.
- ISHII, T., M. GURUSHIDZE, R. KARIMI ASHTIYANI, S. SCHEDEL, S. HIEKEL, G. HENSEL, M. NIESSEN, K. SCHMIDT, N. STEIN, A. HOUBEN & J. KUMLEHN (vorgetragen von GURUSHIDZE, M.): HAPLOIDS – novel haploid technology resting upon uniparental genome elimination. – PLANT 2030 Status Seminar 2014, Potsdam, 31.03.-02.04.2014.
- ISHII, T. & A. HOUBEN (vorgetragen von ISHII, T.): Uniparental chromosome elimination. – University of Georgia, Georgia/USA, 04.09.2014.
- ISHII, T. & A. HOUBEN (vorgetragen von ISHII, T.): How to get rid of your partner? – UC Davis, Davis/USA, 29.10.2014.
- JOST, M.: Cloning of the homeotic gene *laxatum* (*lax.a*) – prospects from an improving barley genomics infrastructure. – 27. Tagung *Molekularbiologie der Pflanzen*, Dabringhausen, 25.-28.02.2014.
- JOST, M.: Cloning of the homeotic gene *laxatum* (*lax.a*) – prospects from an improving barley genomics infrastructure. – 1st International Workshop on Barley Mutant Research, IPK, Gatersleben, 27.-28.06.2014.
- JUNKER, A., E. WILLNER, K.J. DEHMER, C. KLUKAS & T. ALTMANN (vorgetragen von JUNKER, A.): Hochdurchsatz-Pflanzenphänotypisierung am Leibniz Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben: Anwendung für die Analyse der Biomasse-Entwicklung von *Lolium perenne*. – 55. Tagung des DLG-Ausschusses *Gräser, Klee und Zwischenfrüchte*, Bonn, 03.-04.11.2014.
- KELLER, E.R.J.: Cryopreservation of potato, *Allium* and mint in the Gatersleben Genebank, state of the art, division of crop biotechnics. – Catholic University Leuven/Belgium, 30.06.2014.
- KELLER, E.R.J.: The role of water in cryopreservation – differential scanning calorimetry and cryo-microscopy. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- KELLER, E.R.J., M. GRÜBE & A. SENU-LA (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Kryokonservierung von Pflanzen, ihre Anwendung in der Bundeszentralen Kulturpflanzenbank Gatersleben. – Deutsche Kälte- und Klimatagung Düsseldorf (Deutscher Kälte- und Klimatechnischer Verein DKV), Düsseldorf, 19.-21.11.2014.
- KHLESTKINA, E.K., O. SHOEVA, A. BÖRNER & E. GORDEEVA (vorgetragen von KHLESTKINA, E.K.): Purple-grained wheat: genetic control, molecular mechanisms and practical value. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- KITTLER, J., U. KÄSTNER, H. KRÜGER, A. KRÄHMER, C. BÖTTCHER, E. PALADEY, W. JUNGHANS, U. LOHWASSER, W.-D. BLÜTHNER & F. MARTHE (vorgetragen von KITTLER, J.): Strategien für die Melissezüchtung. – 7. Tagung Arznei- und Gewürzpflanzenforschung, Vienna/Austria, 14.-17.09.2014.
- KNÜPFER, H. & S. WEISE (vorgetragen von KNÜPFER, H.): EURISCO, the European Search Portal for Plant Genetic Resources, moved to IPK. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- KOHL, S.: Senescence-induced N remobilization and seed filling in barley. – DFG research group 948 meeting, Berlin, 17.07.2014.
- KUHLMANN, M. & T. VENKATASUBBU (vorgetragen von KUHLMANN, M.): Molecular mechanism of spike fertility under drought in barley. – IZN Workshop, Halle/S., 17.01.2014.
- KUHLMANN, M.: Tiller number in barley is influenced by ABA. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- KUHLMANN, M.: ATERI has suppressor function on PTGS via changing the population of small RNAs. – Post-transcriptional Gene Expression Regulation in Plants (PGRP2014), Poznan/Poland, 30.06.-02.07.2014.
- KUMLEHN, J.: Pollen embryogenesis and genome engineering in barley. – Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität, Bonn, 14.02.2014.
- KUMLEHN, J.: Pollen-Embryogenese und Zielsequenz-spezifische Mutagenese bei Gerste. – Standort-Kolloquium, Julius-Kühn-Institut, Quedlinburg, 27.02.2014.
- KUMLEHN, J.: Pollen embryogenesis and genome engineering in barley. – Institut für Biologie II, Albert-Ludwigs-Universität, Freiburg, 17.03.2014.
- KUMLEHN, J.: Pollen embryogenesis and genome engineering in barley. – Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, Vienna/Austria, 17.05.2014.
- KUMLEHN, J.: Gezielte genetische Veränderung von Getreide durch Designer-Endonukleasen. – 2. Julius-Kühn-Symposium *Neue Techniken in der Pflanzenzüchtung*, Julius-Kühn-Institut, Quedlinburg, 18.06.2014.
- KUMLEHN, J.: Efficient and heritable genome engineering in barley using designer endonucleases. – GPZ 2014: Genetic Variation in Plant Breeding, Kiel, 23.-25.09.2014.
- KUMLEHN, J.: Generationsbeschleunigung bei Wintergetreide durch vernalisations-unabhängige Ährenbildung. – Jahrestagung der Gemeinschaft zur Förderung der privaten Deutschen Pflanzenzüchtung, Bonn, 05.11.2014.

- LANDJEVA, S., A. BÖRNER, S. PS-
HENICHNIKOVA, E.K. KHELESTKI-
NA, T. KARTSEVA & U. LOHWASSER
(vorgetragen von LANDJEVA,
S.): The genetic approach to
physiological studies in bread
wheat. – Scientific Confe-
rence *Plant Physiology and
Genetics, Achievements and
Challenges*, Sofia/Bulgaria,
24.-26.09.2014.
- LE, T.L.: *Arabidopsis thaliana*
RNA-dependent RNA poly-
merase genes and their im-
pact on post-transcriptional
gene silencing. – 10th Plant
Science Student Conferen-
ce, IPK, Gatersleben, 02.-
05.06.2014.
- LERMONTOVA, I.: The Arabidop-
sis KNL2 homologue is an
upstream component of the
cenH3 assembly pathway.
– EMBO Workshop *Histone
Variants*, Strasbourg/France,
02.-04.06.2014.
- LERMONTOVA, I.: The centromeric
histone H3 variant cenH3
takes a central role in kine-
tochore assembly and func-
tion. – Seminar, Institut de
Biologie Moleculaire des
Plantes, Strasbourg/France,
20.06.2014.
- LERMONTOVA, I.: The centromeric
histone H3 variant cenH3
takes a central role in kine-
tochore assembly and func-
tion. – Seminar, Institute of
Experimental Botany AS CR,
Olomouc/Czech Republic,
15.09.2014.
- LIU, S., U. FEUERSTEIN, W. LÜSINK, S.
SCHULZE, H.C. BECKER & K.J.
DEHMER (vorgetragen von DIEK-
MANN, K.): Lack of heterotic
pools in breeding material
and plant genetic resources
of *Lolium perenne* L. – 8th
Symposium on Molecular
Breeding of Forage and Turf
(MBFT) 2014, Istanbul/Tur-
key, 09.-12.06.2014.
- LIU, S. & K.J. DEHMER (vorgetragen
von DEHMER, K.J.): High bio-
mass breeding and heterotic
pools in *Lolium perenne* L. –
Institutstag, IPK, Gatersleben,
08.-10.10.2014.
- LIU, S.: Utilization of genetic mar-
kers to facilitate biomass
breeding in *Lolium perenne*
L. – GFP Jahrestagung, Ab-
teilung Futterpflanzen, Bonn,
05.11.2014.
- LOHWASSER, U.: Saatgutqualität
im Laufe der Zeit – Von der
Domestizierung bis zum Qua-
litätsmanagement. – Semi-
nar *Qualität von Arznei- und
Gewürzpflanzen – Von den
genetischen Ressourcen bis
zum Anbau*, University of Ve-
terinary Medicine Vienna, In-
stitute of Animal Nutrition and
Functional Plant Compounds,
Vienna/Austria, 27.01.2014.
- LOHWASSER, U.: Die Gaterslebener
Petersilienkollektion – Krank-
heitsresistenz und morpho-
logische, molekulare und
phytochemische Charakteri-
sierung. – Seminar *Qualität
von Arznei- und Gewürzpflan-
zen – Von den genetischen
Ressourcen bis zum Anbau*,
University of Veterinary Medi-
cine Vienna, Institute of Ani-
mal Nutrition and Functional
Plant Compounds, Vienna/
Austria, 27.01.2014.
- LOHWASSER, U.: Von der Domesti-
kation bis zum Qualitätsma-
nagement – Saatgutqualität
im Wandel der Zeit. – AGES
– Österreichische Agentur für
Gesundheit und Ernährungs-
sicherheit, Abteilung Pflanz-
engenetische Ressourcen,
Linz/Österreich, 29.01.2014.
- LOHWASSER, U.: Conservation of
plant genetic resources. –
Ethiopian Biodiversity Institu-
te (EBI), Addis Ababa/Ethio-
pia, 14.03.2014.
- LOHWASSER, U.: Biodiversity in Ethi-
opia – german perspective.
– CD-Seed Review Planning
Workshop, Addis Ababa/Ethio-
pia, 18.-19.03.2014.
- LOHWASSER, U., J. SCHIMMEL, K. BAU-
MANN, P. KOLACKOVA, A. BÖRNER
& J. DEGENHARDT (vorgetragen
von LOHWASSER, U.): Untersu-
chung der Thymian-Kollekti-
on aus der bundeszentralen
ex situ-Genbank Gatersleben
– Vergleich morphologischer,
phytochemischer und mole-
kularer Daten. – 7. Tagung
Arznei- und Gewürzpflanzen-
forschung, Vienna/Austria,
14.-17.09.2014.
- LOHWASSER, U.: Association map-
ping versus QTL analysis –
using plant genetic resources
for discovery loci determining
pre-harvest sprouting and
dormancy in wheat and bar-
ley. – 65. Tagung der Verei-
nigung der Pflanzenzüchter
- und Saatgutkaufleute Öster-
reichs, Gumpenstein/Öster-
reich, 24.-26.11.2014.
- LOVELL, J.T. & T. F. SHARBEL (vor-
getragen von LOVELL, J.T.):
Muller's ratchet leads to ge-
nome-wide accumulation of
deleterious mutations in apo-
mitic lineages of *Boechera
spatifolia*. Genome-enabled
approaches towards molecu-
lar functions in ecology and
evolution. – Bad Neuenahr,
31.01.-03.04.2014.
- MARTHE, F., J. KITTLER, U. KÄSTNER, D.
ULRICH, A. KRÄHMER, H. KRÜGER, E.
LOHWASSER, W. JUNGHANS &
W. D. BLÜTHNER (vorgetragen
von MARTHE, F.): The genetic
approach to physiological
studies in bread wheat. –
Scientific Conference *Plant
Physiology and Genetics,
Achievements and Chal-
lenges*, Sofia/Bulgaria, 24.-
26.09.2014.
- MASCHER, M.: Anchoring and or-
dering NGS contig assem-
blies by population sequen-
cing (POPSEQ). – Plant and
Animal Genome XXII Confe-
rence, San Diego/USA, 11.-
15.01.2014.
- MASCHER, M., A. HIMMELBACH, N.
WENDLER, U. SCHOLZ, J. POLAND
& N. STEIN (vorgetragen von
MASCHER, M.): The newest
tool-kit for mapping, cloning
and sequencing in barley
and beyond. – Plant and
Animal Genome XXII Confe-
rence, San Diego/USA, 11.-
15.01.2014.
- MASCHER, M.: Strategies for re-
duced representation rese-
quencing of the barley ge-
nome. – Julius-Kühn-Institut,
Quedlinburg, 06.03.2014.
- MASCHER, M.: Sequence-based
genetic mapping in barley –
cloning the MND gene. – De-
partment of Agronomy and
Plant Genetics, University of
Minnesota/USA, 06.05.2014.
- MASCHER, M.: Sequence-based
genetic mapping in barley:
applications to genome as-
sembly and gene isolation.
– Department of Plant Scien-
ces, Weizmann Institute of
Science, Rehovot/Israel,
08.06.2014.
- MASCHER, M.: Sequence-based
genetic mapping in barley –
- cloning the MND gene. – 1st
International Workshop on
Barley Mutant Research, IPK,
Gatersleben, 27.-28.06.2014.
- MASCHER, M.: Genetic anchoring
of the chromosome shotgun
assembly of bread wheat by
population sequencing. –
EUCARPIA Cereals Section
– ITMI Joint Conference *Cereals
for Food, Feed and Fuel
Challenge for Global Improve-
ment*, Wernigerode, 29.06.-
04.07.2014.
- MASCHER, M.: Mapping-by-se-
quencing accelerates forward
genetics in barley. – EUCAR-
PIA Cereals Section – ITMI
Joint Conference *Cereals for
Food, Feed and Fuel Chal-
lenge for Global Improve-
ment*, Wernigerode, 29.06.-
04.07.2014.
- MASCHER, M.: Sequence-based
genetic mapping in barley.
– James Hutton Institute,
Dundee/UK, 25.08.2014.
- MASCHER, M.: Sequence-based
genetic mapping in barley:
applications to genome as-
sembly and gene isolation. –
The Genome Analysis Centre,
Norwich/UK, 27.08.2014.
- MASCHER, M.: Sequence-based
genetic mapping in barley.
– Max-Planck-Institut für
Züchtungsforschung, Köln,
03.11.2014.
- MATROS, A.: Metabolite profiling
as a means to hybrid perfor-
mance prediction in winter
wheat. – 20th International
Mass Spectrometry Confe-
rence (IMSC2014), Geneva/
Switzerland, 24.-29.08.2014.
- MATROS, A.: Proteomics appro-
aches to investigate barley
grain development. – ARC
Centre of Excellence in Plant
Cell Walls, Adelaide/Austra-
lia, 27.11.2014.
- METTE, M.F.: Genetic analysis of
RNA-directed DNA methyl-
ation in plants. – King Abdul-
lah University of Science
and Technology, Thuwal/
Kingdom of Saudi Arabia,
17.09.2014.
- METTE, M.F.: Towards chromo-
some engineering in plants.
– King Abdullah University
of Science and Technology,

- Thuwal/Kingdom of Saudi Arabia, 25.11.2014.
- MOCK, H.P.: Evaluation of salt stress defence responses in barley mapping populations. – Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, 21.01.2014.
- MOCK, H.P.: Proteomics to evaluate genetic resources for stress defence responses. – Universität Bielefeld, 02.10.2014.
- MORA-RAMIREZ, I., I. SAALBACH, H. WEBER, U. SEIFFERT, J. KUMLEHN & W. WESCHKE (vorgetragen von MORA-RAMIREZ, I.): Transgenic winter wheat ectopically expressing a barley sucrose transporter exhibits enhanced root growth, accelerated development and increased yield. – International Conference *Translational Cereal Genomics* 2014, Vienna/Austria, 09.-12.02.2014.
- MUSZYŃSKA, A., A. BÖRNER, G. MELZ, M.S. RÖDER, T. RUTTEN, K. HOF-FIE, M. BENECKE & M. MELZER (vorgetragen von MUSZYŃSKA, A.): The stronger always succeeds: how *Stabilstroh* became lodging resistant. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- NAGEL, M., I. KRÄNNER, S.P.C. GROOT, J. KODDE & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Seed conservation in *ex situ* Gene Banks – genetic and biochemical markers of viability illuminate mechanisms of seed longevity in barley. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- NAGEL, M., A. BÖRNER, J. KODDE & S.P.C. GROOT (vorgetragen von NAGEL, M.): Genetics of seed longevity – artificial seed ageing using elevated partial pressure of oxygen (EPPO) and controlled deterioration revealed comparable loci in barley. – 11th Conference of the International Society for Seed Science (ISSS), Changsha/China, 15.-19.09.2014.
- NAGEL, M.: Long-term storage of seeds – genetic and biochemical markers of viability unravel mechanisms of seed longevity in barley. – Botanic Seminars, University of Innsbruck/Austria, 12.11.2014.
- NAGEL, M.: *Ex situ* conservation of barley germplasm – genetic and biochemical markers reveal mechanism of seed deterioration. – 65. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, Gumpenstein/Österreich, 24.-26.11.2014.
- NAVARRO-DOMINGUEZ, B., J. CABRERO, M. BAKKALI, M. PELLINO, J.M. CORRAL, M.D. LOPEZ-LEÓN, T.F. SHARBEL & J.P.M. CAMACHO (vorgetragen von NAVARRO-DOMINGUEZ, B.): Transcriptome and microarray analysis of B-chromosome effects on gene expression in two populations of *Eyprepocnemis plorans*. – 3rd International B-chromosome Conference, IPK, Gatersleben, 07.-09.04.2014.
- NEHRlich, S., K. LÖSCHNER & K.J. DEHMER (vorgetragen von DEHMER, K. J.): Combining plant genetic resources and molecular marker techniques to select potatoes with optimally utilizable biomass. – 19th Triennial Conference of the EAPR, Brussels/Belgium, 06.-11.07.2014.
- NEUMANN, K., S. DHANAGOND, C. KLUKAS, D. CHEN, A. GRÄNER & B. KILIAN (vorgetragen von NEUMANN, K.): Growth, wilting and recovery – digital imaging and modelling of vegetative biomass growth in seasonal drought conditions. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- NEUMANN, K.: Integration of phenomics and genomics: the use of digital imaging of vegetative biomass growth in seasonal drought conditions for a genome-wide association study. – Symposium All-inclusive Breeding: Integrating high-throughput science, Wageningen/The Netherlands, 16.10.2014.
- OPPERMANN, M.: An overview of the IPK Genebank Information System. – Seminar, Enza Zaden, Enkhuizen/Netherlands, 24.04.2014.
- OTTO, L.-G. & T.F. SHARBEL (vorgetragen von OTTO, L.-G.): Charakterisierung genetischer Ressourcen von Kamille (*Matricaria recutita* L.) mit Hilfe molekularer Techniken. – 7. Tagung Arznei- und Gewürzpflanzenforschung, Vienna/Austria, 14.-17.09.2014.
- PANDEY, P., A. HOUBEN, J. KUMLEHN, M. MELZER & T. RUTTEN (vorgetragen von PANDEY, P.): Stress-induced chromatin modifications: a motor behind pollen embryogenesis? – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- PEUKERT, M., A. MATROS & H.-P. MOCK (vorgetragen von PEUKERT, M.): MS imaging of metabolites during barley grain development – what we can learn about biological processes. – 47th Annual Meeting of the German Society for Mass Spectrometry (DGMS), Frankfurt/Main, 02.-05.03.2014.
- PEUKERT, M., A. MATROS & H.-P. MOCK (vorgetragen von PEUKERT, M.): Resolution of tissue specific metabolite distribution patterns and their impact on barley grain development. – 11th Conference of the International Society for Seed Science (ISSS), Changsha/China, 15.-19.09.2014.
- PEUKERT, M., A. MATROS & H.-P. MOCK (vorgetragen von PEUKERT, M.): Spatio-temporal metabolite distribution patterns during barley grain development. – ARC Centre of Excellence in Plant Cell Walls, Adelaide/Australia, 13.11.2014.
- POURSAREBANI, N., T. NUSSBAUMER, H. ŠIMKOVÁ, J. ŠAFÁŘ, H. WITSENBOER, J.V. OEVEREN, INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM, J. DOLEŽEL, K.F.X. MAYER, N. STEIN & T. SCHNURBUSCH (vorgetragen von POURSAREBANI, N.): The Whole Genome Profiling™ for physical mapping of wheat chromosome 6A. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- RAJARAMAN, J.: Evolutionary conservation of expression pattern between barley and wheat orthologous genes for non-host resistance to powdery mildew. – 4th International Powdery Mildew Workshop, Royal Botanic Gardens, Kew, London/UK, 15.-16.09.2014.
- REIF, J.C.: Predicting phenotypic performance in hybrid wheat. – 17. Conference of the Genome Research Working Group Crop Genomics and Plant Breeding, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 11.-13.02.2014.
- REIF, J.C.: Hybrid breeding in wheat. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- REIF, J.C.: Redesigning the exploitation of wheat genetic resources. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- REIF, J.C.: Use of hybrids for the characterisation of wheat germplasm. – GGG Veranstaltung *Nutzung genetischer Ressourcen bei Weizen für die Pflanzenzüchtung*, Green Gate Gatersleben, 03.12.2014.
- RIEWE, D.: Metabolite profiling applications: quantitative genetics, candidate gene characterisation and trait prediction. – AgResearch, Palmerston North/New Zealand, 21.01.2014.
- RIEWE, D.: Metabolite profiling applications in quantitative genetics, gene functional annotation and trait prediction. – IPB, Halle/S., 07.07.2014.
- RÖDER, M.: Association mapping in European winter wheat. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- RÖDER, M.S.: Association mapping in European winter wheat. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.

- RÖDER, M.: Use of introgression lines for the isolation of genes for grain size. – GGG Veranstaltung *Nutzung genetischer Ressourcen bei Weizen für die Pflanzenzüchtung*, Green Gate Gatersleben, 03.12.2014.
- SANDMANN, M., D. DEMIDOV & I. LERMONTOVA (vorgetragen von SANDMANN, M.): *Arabidopsis thaliana* KNL2 is involved in assembly of cenH3 at centromeres. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- SANDMANN, M., D. DEMIDOV & I. LERMONTOVA (vorgetragen von SANDMANN, M.): *Arabidopsis thaliana* KNL2 is involved in assembly of cenH3 at centromeres. – 20th International Chromosome Conference, University of Kent, Canterbury/UK, 01.-05.09.2014.
- SCHADEL, S., M. GURUSHIDZE, S. HIEKEL, G. HENSEL, R. KARIMI ASHTIYANI, T. ISHII, M. NIESSEN, K. SCHMIDT, N. STEIN, A. HOUBEN & J. KUMLEHN (vorgetragen von SCHADEL, S): HAPLOIDS – uniparental genome elimination in tobacco via modification of the centromere-specific histone CENH3. – PLANT 2030 Status Seminar 2014, Potsdam, 31.03.-02.04.2014.
- SCHMIDT, R.: The *Brassica napus* genome – lessons from the study of selected genes. – Seminar, Georg-August-Universität, Göttingen, 23.01.2014.
- SCHMIDT, R.: Gene expression QTL in developing *Arabidopsis thaliana* seeds. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- SCHNURBUSCH, T.: Genetic analysis of pre-flowering development in spring barley. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-09.10.2014.
- SCHNURBUSCH, T.: Opportunities to increase grain number in wheat. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- SCHOLZ, U.: Computational genomics in minor crops – genome assembly and diversity studies in rye. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- SCHUBERT, I.: Karyotype evolution – principles and pitfalls. – Seminar, University of Mahasarakham/Thailand, 09.11.2014.
- SCHUBERT, V.: Superresolution microscopy with Elyra – applications in cell science. – ZEISS ELYRA PS.1 Technology Workshop, München, 27.-28.05.2014.
- SCHWEIZER, P.: Quantitative powdery mildew resistance caused by a partial gene duplicate in *Triticeae*. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.
- SCHWEIZER, P.: Cell wall-related defense of barley against powdery mildew. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.
- SCHWEIZER, P.: Approaches for increasing resistance to pathogens in transgenic plants. – 28th NOVA PhD Course in Plant Pathology *Genomic and transcriptomic sequences – a revolution in Plant Pathology?*, Ishøj Strand/Denmark, 05.-10.05.2014.
- SCHWEIZER, P.: The physical map and genome sequence of barley. – 28th NOVA PhD Course in Plant Pathology *Genomic and transcriptomic sequences – a revolution in Plant Pathology?*, Ishøj Strand/Denmark, 05.-10.05.2014.
- SCHWEIZER, P.: Gene discovery: exploring genome and transcriptome. – 28th NOVA PhD Course in Plant Pathology *Genomic and transcriptomic sequences – a revolution in Plant Pathology?*, Ishøj Strand/Denmark, 05.-10.05.2014.
- SCHWEIZER, P.: Next generation transgenics, cisgenics and targeted genome mutagenesis. – 28th NOVA PhD Course in Plant Pathology *Genomic and transcriptomic sequences – a revolution in Plant Pathology?*, Ishøj Strand/Denmark, 05.-10.05.2014.
- SCHWEIZER, P.: RNAi technology for durable disease resistance in barley and wheat. – IPAZ, Universität Gießen, 23.05.2014.
- SCHWEIZER, P.: Large(er)-scale RNAi for barley genes affecting the interaction with Bgh. – 4th International Powdery Mildew Workshop, Royal Botanic Gardens, Kew, London/UK, 15.-16.09.2014.
- SCHWEIZER, P.: A switch from disease susceptibility to resistance by a partial gene duplicate of barley. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- SCHWEIZER, P.: Durable resistance of barley to powdery mildew: one trait – many genes. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- SCHWEIZER, P.: Race-nonspecific resistance of barley to powdery mildew: one trait – many genes. – SFB924-Kolloquium, Technische Universität München, 27.11.2014.
- SCHWEIZER, P.: Do receptor-like kinases mediate nonhost resistance in barley? – 12th Annual BarleyGenomeNet Meeting, University of Modena and Reggio Emilia, Reggio Emilia/Italy, 10.-11.12.2014.
- SHARBEL, T.F.: Muller's ratchet and adaptation in sympatric sexual and apomictic lineages. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-10.10.2014.
- STEIN, N.: Barley, wheat & rye – improved access to multi-gigabase *Triticeae* genomes and its promise to improved crop research and plant breeding. – Seminar, Institute of Plant Biology, University of Zurich, Zurich/Switzerland, 28.02.2014.
- STEIN, N.: Bymovirus resistance in barley. – PLANT 2030 Status Seminar 2014, Potsdam, 31.03.-02.04.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Seminar, The Institute of Evolution & the Department of Evolutionary and Environmental Biology, Institute of Evolution, University of Haifa, Haifa/Israel, 08.04.2014.
- STEIN, N.: On the verge of full access to *Triticeae* genomes – still a need for models in cereal research? – Seminar, NIAS, Tsukuba/Japan, 08.05.2014.
- STEIN, N.: Genetic and molecular basis of bymovirus resistance in barley. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 08.-09.10.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Seminar, AS/Norway, 15.10.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – IPK-CAU bilateral workshop, CAU, Beijing/China, 23.10.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics: how access to genome sequence boosts crop research. – Seminar, KAUST, Jeddah/Saudi Arabia, 11.11.2014.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Seminar, Uppsala Biocenter, Uppsala/Sweden, 16.12.2014.
- TRAN, T.D., M. FOJTOVA, H.X. CAO, P. NEUMANN, P. NOVAK, G. JOVTCHEV, J. FUCHS, G.T.H. VU, J. FAJKUS, J. MACAS & I. SCHUBERT (vorgetragen von TRAN, T.D.): Telomeric sequence variation in the carnivorous genus *Genlisea*. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- TRAN, V.G.: BWGS: a Breed Wheat Genomic Selection pipeline. – EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference *Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement*, Wernigerode, 29.06.-04.07.2014.
- VENKATASUBBU, T., G. GOVIND, T. RUTTEN, G. HENSEL, J. KUMLEHN, L. ESCHEN-LIPPOLD, J. LEE, M. KUHLMANN & N. SREENIVASULU (vorgetragen von VENKATASUBBU, T.): Role of *Vrs1* and *Hox2* in barley spikelet development; new findings and insights. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- VENKATASUBBU, T.: Exploring the molecular mechanism underlying spike fertility in barley. – 4. Annual Meeting IZN, Halle/S., 17.07.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Heinrich-Hei-

- ne-Universität Düsseldorf, 13.01.2014.
- VON WIRÉN, N.: Pflanzliche Anpassungsstrategien an Problemstandorte. – Lion's Club, Quedlinburg, 27.02.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Ludwig-Maximilians-Universität München, 03.04.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Freie Universität Berlin, 22.08.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – IPK-CAU bilateral workshop, CAU, Beijing/China, 23.10.2014.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Georg-August-Universität, Göttingen, 11.12.2014.
- VU, G.T.H. & I. SCHUBERT (vorgetragen von SCHUBERT, I.): DNA double-strand break repair primarily involves the sister chromatid in barley. – Conference *Plant Molecular Cytogenetics in Genomics and Postgenomic Era*, Katowice/Poland, 23.-24.09.2014.
- WANG, R., A. MATROS, A. BÖRNER & H.-P. MOCK (vorgetragen von WANG, R.): Phytochemical characterisation of cereals accumulating anthocyanins with potential health beneficial effects. – 1. Eduard Strasburger-Workshop der Deutschen Botanischen Gesellschaft, Nürnberg, 21.-23.09.2014.
- WENDLER, N., M. MASCHER, C. NÖH, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN (vorgetragen von WENDLER, N.): Ways to unlock barley's secondary gene pool for breeding by next-generation-sequencing. – Plant and Animal Genome XXII Conference, San Diego/USA, 11.-15.01.2014.
- WENDLER, N., M. MASCHER, C. NÖH, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN (vorgetragen von WENDLER, N.): Ways to unlock barley's secondary gene pool for breeding by next-generation-sequencing. – 10th Plant Science Student Conference, IPK, Gatersleben, 02.-05.06.2014.
- WENDLER, N., M. MASCHER, C. NÖH, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN (vorgetragen von WENDLER, N.): Ways to unlock barley's secondary gene pool for breeding by next-generation-sequencing. – Joint PGR Secure and EUCARPIA International Conference *Enhanced Gene pool Utilization – Capturing wild relative and landrace diversity for crop improvement*, Cambridge/UK, 16.-20.06.2014.
- WENDLER, N., M. MASCHER, C. NÖH, A. HIMMELBACH, U. SCHOLZ, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN (vorgetragen von WENDLER, N.): Ways to unlock barley's secondary gene pool for breeding by next-generation-sequencing. – Lab meeting, The Sainsbury Laboratory, Norwich/UK, 23.06.2014.
- WENDLER, N., C. NÖH, B. RUGE-WEHLING & N. STEIN (vorgetragen von WENDLER, N.): TRANSBULB: Genomics-based approaches to utilise the secondary gene pool of barley for sustainable breeding. – KWS Cereals IT meeting, Einbeck, 05.12.2014.
- WESCHKE, W.: Intrinsic regulators controlling root architecture in seedlings of high yield transgenic winter wheat lines. – DFG Round Table *Genetic and environmental control of root system structure and function*, Bonn, 05.-06.05.2014.
- WESCHKE, W.: Barley glumes: a transitory buffer of N resources for endosperm filling. – Plant Nutrition 2014 – From Basic Understanding to Better Crops, International Conference of the DGP, Halle/S., 10.-12.09.2014.
- WESCHKE, W.: Control of grain size and composition in barley and wheat. – IGDB - IPK joint workshop, CAS, Beijing/China, 20.-21.10.2014.
- WILLNER, E.: Die IPK Genbank, Öl- und Futterpflanzensortiment in Malchow. – Hochschule Wismar, 18.06.2014.
- ZANKE, C., J. LING, J. PLIESKE, S. KOLLERS, E. EBMAYER, V. KÖRZUN, O. ARGILLIER, G. STIEWE, M. HINZE, M.W. GANAL & M. S. RÖDER (vorgetragen von ZANKE, C.): Genetic architecture of heading date in European winter wheat. – International Conference *Translational Cereal Genomics* 2014, Vienna/Austria, 09.-12.02.2014.
- 2015
- ALLAM, M., M. NAGEL, R. SNOWDON, W. FRIEDT, A. MAURER, K. PILLEN, V. MIRDITA, J.C. REIF & A. BÖRNER (vorgetragen von ALLAM, M.): Genetic studies in oilseed rape (*Brassica napus*) revealed QTL for seed longevity related to seed weight, oil content and nutrition accumulation in seeds. – Seed Longevity Workshop 2015 of the International Society for Seed Science (ISSS), Wernigerode, 05.-08.07.2015.
- ALLAM, M., M. NAGEL, R. SNOWDON, W. FRIEDT, A. MAURER, K. PILLEN, V. MIRDITA, J.C. REIF & A. BÖRNER (vorgetragen von ALLAM, M.): Linkage and association studies in oilseed rape (*Brassica napus*) displayed common QTL for seed deterioration and longevity. – 6th Annual International Arab Workshop on Biotechnology *Plant Genetic Resources: Conservation, Documentation and Better Utilization*, Cairo/Egypt, 24.-25.08.2015.
- ALLAM, M., M. NAGEL, R. SNOWDON, W. FRIEDT, A. MAURER, K. PILLEN & A. BÖRNER (vorgetragen von ALLAM, M.): Linkage and association studies in oilseed rape (*Brassica napus*) displayed common QTL for seed deterioration and longevity. – 3rd Symposium on Plant Biotechnology Applications, National Research Center, Cairo/Egypt, 20.-21.12.2015.
- ALTMANN, T.: DPPN exhibits – already developed and usable facilities and instruments. – PLANT 2030 Status Seminar 2015, Potsdam, 04.-06.03.2015.
- ALTMANN, T.: OPTIMAL – genetic and biomarker-based predictive breeding of maize cultivars. – PLANT 2030 Status Seminar 2015, Potsdam, 04.-06.03.2015.
- ALTMANN, T.: Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben. – Sommer-tagung der GFP-Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, IPK, Gatersleben, 27.-28.05.2015.
- ALTMANN, T.: Interview on plant genetic resources and approaches and facilities for plant phenotyping and phenotyping at IPK. – MDR-Info (vor Ort), IPK, Gatersleben, 04.08.2015.
- ALTMANN, T.: Nutzung von Pflanzenphänotypisierungsplattformen und -verfahren für die Bioökonomieforschung @IPK Gatersleben. – GFPI Partnering Day, Berlin, 08.09.2015.
- ALTMANN, T.: Plant performance monitoring and QTL mapping using automated phenotyping approaches. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- ARENS, N., A. BACKHAUS, U. SEIFFERT & H. P. MOCK (VORGETRAGEN VON ARENS, N.): Metabolite profiling and hyperspectral imaging of sugar beet genotypes responding to fungal pathogen *Cercospora beticola*. – XVIII. International Plant Protection Congress (IPPC) 2015, Berlin, 24.-27.08.2015.
- BAJERSKI, F., A. SENULA, E.R.J. KELLER & J. OVERMANN (VORGETRAGEN VON BAJERSKI, F.): Novel insights into cellular processes affecting the cryopreservation of bacterial and eucaryotic cells. – CRYO 2015: 52nd Annual Meeting of the Society for Cryobiology, Ostrava/Czech Republic, 26.-29.07.2015.
- BÄUMLEIN, H.: Novel epigenetic regulators of reproductive processes. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- BIENERT, G.P.: Aquaporins – a never ending story of new isoforms and surprising regulations and functions. – Kolloquium im Rahmen von SFB 974, Heinrich-Heine-Universität, Düsseldorf, 03.02.2015.

- BIENERT, G.P.: Mechanisms regulating the boron nutritional status in rapeseed and their implications for the development of boron-efficient genotypes. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- BIENERT, G.P.: Aquaporins – a never ending story of new isoforms and surprising regulations and functions. Examples from the cell to the field. – Biophysikalisches Kolloquium, Johannes-Kepler-Universität, Linz/Austria, 24.11.2015.
- BORISJUK, L.: NMR for *in vivo* screening of major seed traits. – PepsiCo Global R&D, LTR - Crop Science, Kolloquium, New York, 30.01.2015.
- BORISJUK, L.: Plant imaging with invisible rays. – Kolloquium, BayerCropScience Center, Ghent/Belgium, 09.03.2015.
- BORISJUK, L.: Surveying the living seed by magnetic resonance imaging. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- BÖRNER, A.: Erhaltung pflanzen-genetischer Ressourcen für künftige Generationen – Die Samenbank für Kulturpflanzen und verwandte Wildarten in Gatersleben. – Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau, Prüf- und Anerkennungsstelle für Saat- und Pflanzgut, Halle/S., 15.01.2015.
- BÖRNER, A.: Genbanken – Grundlage künftiger Pflanzenzüchtung. – Saatbautagung 2015, Bernburg-Strenzfeld, 10.03.2015.
- BÖRNER, A.: Plant Genetic Resources for Food and Agriculture (PGRFA) – maintenance and research. – Universität Innsbruck, Institut für Botanik, Innsbruck/Österreich, 15.05.2015.
- BÖRNER, A.W., A. J. C.N. LAW, J. PLASCHKE, V. KORZUN, E.K. KHELESTKINA, T.A. PSHENICHNIKOVA, S. CHEBOTAR, S. LANDJEVA, B. KOBILJSKI, E. PESTSOVA, S.V. OSIPOVA, A.F. BALINT, A. GIURA, K. KOWALCZYK, M. AGACKA-MOLDOCH, M.R. SIMON, A.M. CASTRO, Y. CHESNOKOV, N. TIKHENKO, M.A. REHMAN ARIF, M. NAGEL, K. NEUMANN, F. ARANA-CEBALLOS, U. LOHWASSER & M.S. RÖDER (vorgetragen von BÖRNER, A.): EWAC – the past 25 years (1991-2015). – EWAC-EUCARPIA Cereals Section International Conference, Lublin/Poland, 24.-29.05.2015.
- BÖRNER, A.: Plant genetic resources for food and agriculture – maintenance and utilisation for genetic studies. – Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznan/Poland, 01.06.2015.
- BÖRNER, A., M. NAGEL, M.A. REHMAN ARIF, M. ALLAM, U. LOHWASSER, M. AGACKA-MOLDOCH, T. DOROSZEWSKA & E. KHELESTKINA (vorgetragen von BÖRNER, A.): Plant genetic resources – the prerequisite for future genetic studies and plant breeding. – 3rd International Conference *Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology* (PlantGen 2015), Novosibirsk/Russia, 17.-21.06.2015.
- BÖRNER, A.: Genbanken – Grundstock zur Züchtung von Sorten für veränderte Boden- und Klimabedingungen. – 127. VDLUFA-Kongress, Göttingen, 15.-18.09.2015.
- BOTHE, A.: Phänotypisierung genetischer Diversität im *Lolium perenne*-Sammlungsmaterial der IPK-Genbank. – Sommer-tagung der GFP-Abteilung Futterpflanzen, Meschede, 05.05.2015.
- BOTHE, A.: Phenotyping genetic diversity of perennial ryegrass ecotypes (*Lolium perenne* L.). – 31st International EUCARPIA Symposium Section Fodder Crops and Amenity Grasses *Breeding in a world of scarcity*, Ghent/Belgium, 13.-17.05.2015.
- CHAPMAN, J., M. MASCHER, A. BULUÇ, K.W. BARRY, E. GEORGANAS, A. SESSION, V. STRNADOVA, J. JENKINS, S.K. SEHGAL, L. OLIVER, J. SCHMUTZ, K. YELICK, U. SCHOLZ, R. WAUGH, J. POLAND, G.J. MUEHLBAUER, N. STEIN & D.S. ROKHSAR (vorgetragen von MASCHER, M.): A whole-genome shotgun approach for assembling and anchoring the hexaploid bread wheat genome. – Plant and Animal Genome XXIII Conference, San Diego/USA, 10.-14.01.2015.
- CONRAD, U.: Biochemical, mechanical and immunological characterisation of spider silk proteins from plants. – Seminar, Institute of Biotechnology, Hanoi/Vietnam, 13.04.2015.
- CONRAD, U.: Multimerisation of proteins: versatile tools for the design of vaccines, therapeutic antibodies and silks produced in plants. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- DEHMER, K.J.: (Sorten-)Vielfalt am Beispiel der Kartoffel – moderne Landwirtschaft kommt nicht ohne genetische Ressourcen aus. – Fachtagung Alte Sorten für Junges Gemüse – Erhaltung der Sortenvielfalt von Obst und Gemüse, Blunk, 24.03.2015.
- DEHMER, K.J.: Die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (GLKS) als Teilsammlung der IPK-Genbank. – Norika/Bio-land-Erzeugerring Bayern, Groß Lüsewitz, 26.06.2015.
- DIEHN, T.A., B. POMMERREINIG & G. P. BIENERT (vorgetragen von DIEHN, T.A.): New insights into the boron homeostasis of Brassica crops. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- DIEHN, T.A., B. POMMERREINIG & G. P. BIENERT (vorgetragen von DIEHN, T.A.): Neue Einblicke in die Aufnahme und Verteilung von Bor in Raps. – DGP Tagung 2015 *Boden, Nährstoffe, Wasser – Forschung für die nachhaltige und effiziente Nutzung von Ressourcen* (Deutsche Gesellschaft für Pflanzenernährung), Georg-August-Universität, Göttingen, 17.-18.09.2015.
- DÖLL, S.: Accumulation of the coumarin scopolin under abiotic stress conditions is mediated by the *Arabidopsis thaliana* THO complex. – 28. Tagung *Molekularbiologie der Pflanzen*, Dabringhausen, 24.-27.02.2015.
- FRITSCH, R.: Useful plants in the Panj valley and neighboring areas reported in some literature. – Workshop *Evaluation of Natural Resources in Afghanistan*, Rauschholz-
- hausen/Marburg, 29.11.-05.12.2015.
- FUCHS, J.: Genome (size) diversity in the carnivorous plant genus *Genlisea*. – Seminar, Federal University of Pernambuco, Recife/Brazil, 04.12.2015.
- GRANER, A.: *Ex situ* conservation of plant genetic resources. – Seminarvortrag (Masterprogramm: Sustainable International Agriculture), Universität Kassel, Fachbereich Ökologische Agrarwissenschaften, Kassel, 12.02.2015.
- GRANER, A.: InnoGrain-Malt – developing drought sustainable genotypes with improved seed yield and quality suitable for malting. – PLANT 2030 Status Seminar 2015, Potsdam, 04.-06.03.2015.
- GRANER, A.: Genbanken – ihre Rolle bei der Erhaltung und Nutzung der genetischen Diversität von Nutzpflanzen. – Tauchgänge in die Wissenschaft, Wissenschaftskolleg für Journalisten, IPK, Gatersleben, 24.04.2015.
- GRANER, A.: Vorstellung der bundeszentralen *ex situ*-Genbank. – Tagung GPZ-AG Gemüse/GFP Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen, IPK, Gatersleben, Quedlinburg, 08.-09.06.2015.
- GRANER, A.: *Ex situ* Erhaltung und Nutzbarmachung pflanzen-genetischer Ressourcen: Mission accomplished? – Kolloquium über Biologische Lebendsammlungen anlässlich des 175-jährigen Bestehens des Botanischen Gartens Braunschweig, Braunschweigische Wissenschaftliche Gesellschaft, Braunschweig, 09.07.2015.
- GRANER, A.: Die bundeszentrale *ex situ*-Genbank auf dem Weg zum biologisch-digitalen Ressourcenzentrum. – Rotary Club Salzgitter-Wolfenbüttel-Vorharz, Wolfenbüttel, 24.08.2015.
- GRANER, A.: Pflanzengenetische Ressourcen: Nutzen und Nutzbarmachung. – 58. Tagung der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften e.V. *Multifunktionale Agrarlandschaften – Pflanzenbaulicher Anspruch, Biodiversität*,

- Ökosystem-dienstleistungen, Technische Universität Braunschweig, 22.-24.09.2015.
- GRANER, A.: *Exsitu* conservation of crop plants: land of plenty? – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- HAJIREZAEI, M.R.: From roots to flowers: a biotechnological approach to improve adventitious root formation in ornamental plants. – 1st International and 9th National Biotechnology Congress, Tehran/Iran, 24.-26.05.2015.
- HARPKE, D., H. KERNDORFF, S. MENG & F. R. BLATTNER (vorgetragen von HARPKE, D.): High diversification within *Crocus* sect. *Nudiscapus* in Turkey driven by habitat fragmentation and dysploidy. – Botanikertagung 2015 *From Molecules to the Field*, München, Freising, 30.08.-03.09.2015.
- HENSEL, G.: Gezielte Veränderung von Genfunktionalität mittels Homologie-abhängiger Genom-Editierung bei Gerste. – Somatische Embryogenese und Molekulare Züchtung Workshop, Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie, KWS Saat AG, Einbeck, 11.-13.05.2015.
- HENSEL, G., M. POURKHEIRANDISH, T. KOMATSUDA & J. KUMLEHN (vorgetragen von HENSEL, G.): Functional validation of major barley domestication genes by transgenic complementation: deletions in *Btr1* and *Btr2* independently caused the *non-brittle rachis*. – Botanikertagung 2015 *From Molecules to the Field*, München, Freising, 30.08.-03.09.2015.
- HENSEL, G.: Targeted modification of gene function via homology-directed genome editing in barley. – 2nd Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 14.-17.09.2015.
- HENSEL, G.: Targeted modification of gene function via homology-directed genome editing in barley. – Advances in Plant Genomics, Online Event, 21.10.2015.
- HENSEL, G.: Targeted modification of gene function via homology-directed genome editing in barley. – 11th Congress of International Plant Molecular Biology (IPMB), Foz do Iguaçu/Brazil, 25.-30.10.2015.
- HILO, A.: Improvement of adventitious root formation in *Petunia hybrida* cuttings by targeted nutrient application. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- HILPERT, S.: Genetic background, ploidy and ovule-directed transcriptome analysis: a biogeographic approach to understanding apomixis penetrance in *Poa pratensis*. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- HOUBEN, A.: Chromosome biology meets plant breeding. – Networking Day TKI Propagation Material, Nieuwegein/The Netherlands, 07.04.2015.
- HOUBEN, A.: Haploidization via centromere engineering. – Seminar, Company Rijk Zwaan Breeding B.V., Fijnaart/The Netherlands, 08.04.2015.
- HOUBEN, A.: Origin and drive of rye B chromosomes. – Post Graduation Program in Genetics, Federal University of Pernambuco, Recife/Brazil, 22.05.2015.
- HUONG, B.T.M.: ET factors: novel epigenetic regulators of reproduction are involved in DNA-methylation. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- JUNKER, A.: Phenotyping plants: imaging-based methods for analyzing plant biomass, architecture, physiology, and efficiency. – 2nd Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 14.-17.09.2015.
- JUNKER, A.: High Throughput Plant Phenotyping: sensor systems and their application in field and lab. – Workshop on Phenomics and Genomics for Crop Improvement, Max-Planck-Institut für molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam, 16.11.2015.
- KELLER, E.R.J. & A. SENULA (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Recent aspects of *Allium* cryopreservation in the *Federal German Genebank*. – ISEA 2015: 7th International Symposium on Edible Alliaceae, Nigde/Turkey, 21.-25.05.2015.
- KELLER, E.R.J.: Mehr als 30 Jahre Pflanzen-Kryokonservierung in Deutschland – Stand und Perspektiven. – 29. Mitgliederversammlung des Arbeitskreises Deutsche *In vitro*-Kulturen, Berlin, 17.-18.09.2015.
- KELLER, E.R.J.: International Conference *Low Temperature Science and Biotechnological Advances*, Kongressbericht. – 29. Mitgliederversammlung des Arbeitskreises Deutsche *In vitro*-Kulturen, Berlin, 17.-18.09.2015.
- KELLER, E.R.J., A. SENULA, M. GRÜBE, D. BÜCHNER, J. STOCK & K. ULAGAPPAN (vorgetragen von KELLER, E.R.J.): Kryokonservierung für die Erhaltung von pflanzlichen Genressourcen im IPK – Stand und Perspektiven. Biobanken: Ressource für Wissenschaft, Diagnostik und Therapie. – Tagung der Gemeinschaft Deutscher Kryobanken GDK, IPK, Gatersleben, 26.-27.11.2015.
- KELLER, E.R.J.: *Allium obliquum*, an example for a newcomer crop amongst the wild *Allium* genepool. – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- KHLESTKINA, E.K., O.Y. SHOEVA, E.I. GORDEEVA, A. BÖRNER & T.V. KUKOEVA (vorgetragen von KHLESTKINA, E.K.): Flavonoid biosynthesis regulatory network in Triticeae. – 3rd International Conference *Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology* (PlantGen 2015), Novosibirsk/Russia, 17.-21.06.2015.
- KNÜPFER, H. & S. WEISE (vorgetragen von KNÜPFER, H.): Data quality checks. – EURISCO training workshop, Tirana/Albania, 19.-21.05.2015.
- KNÜPFER, H.: Collecting expeditions of German researchers in Albania – genetic resources of Albanian origin in the world's genebanks. – Honorary Workshop *Identification and evaluation of plant genetic resources through linguistic resources and Albanian tradition illuminated by Prof. Karl Hammer*, Academy of Sciences of Albania & Agricultural University of Tirana/Albania, 22.05.2015.
- KNÜPFER, H.: The European Barley Database of the ECPGR. – HordEva Project Workshop, Alnarp/Sweden, 18.-19.11.2015.
- KNÜPFER, H. & M. OPPERMAN (vorgetragen von KNÜPFER, H.): Progress on selecting and flagging of accessions for the European Collection (AEGIS) – Germany. – HordEva Project Workshop, Alnarp/Sweden, 18.-19.11.2015.
- KÖNIG, C.: What transcriptomics can tell us about metabolic phenotypes: a case study based on the oilseed rape embryo. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- KOPPOLU, R.: Six-rowed spike4 (*Vrs4*) regulates spike architecture and lateral spikelet fertility in barley (*Hordeum vulgare* L.). – 4. Quedlinburger Pflanzenzüchtungstage und 17. Kurt von Rümker-Vorträge, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, 25.-26.03.2015.
- KUHLMANN, M. & T. VENKATASUBBU (vorgetragen von KUHLMANN, M.): Molecular mechanism of spike fertility under drought in barley. – IZN Workshop, Halle/S., 13.02.2015.
- KUHLMANN, M.: Regulatory function of small RNAs in barley. – 2nd Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 14.-17.09.2015.
- KUHLMANN, M. & T. VENKATASUBBU (vorgetragen von KUHLMANN, M.): Exploring yield enhancement genes influencing grain number and seed growth under drought. – IZN Final Meeting, Halle/S., 09.10.2015.
- KUMLEHN, J.: Gezielte Modifikation pflanzlicher Erbinformation mittels Designer-Endonukleasen. – 29. Mitgliederversammlung des Arbeitskreises Deutsche *In vitro*-Kulturen, Berlin, 17.-18.09.2015.
- KUMLEHN, J.: Customizable endonucleases: novel tools for

- site-directed genetic modification of plants. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- KUNZE, G.: Non-conventional yeasts – suitable biocatalysts for new biotechnological products. – JKI Seminar, Braunschweig, 17.02.2015.
- KUNZE, G.: *Arxula adenivorans* – a suitable biocatalyst for new biotechnological products. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- LANDJEVA, S., V. KORZUN, A. BÖRNER, D. PALEJEV, T. KARCEVA, P. CHAMURLIJSKI, N. TSENOV, V. KOUTEV, R. RODEVA, G. GEORGIEV & G. GANEVA (vorgetragen von LANDJEVA, S.): Diversity within Bulgarian old bread wheat germplasm. – EWAC-EUCARPIA Cereals Section International Conference, Lublin/Poland, 24.-29.05.2015.
- LERMONTOVA, I.: Assembly and function of the centromere-specific histone H3 variant cenH3 in plants. – Central European Institute of Technology, Brno/Czech Republic, 09.10.2015.
- LING, J.: Association mapping of traits related to drought stress tolerance in European winter wheat. – International Conference *Plant Abiotic Stress Tolerance III*, Vienna/Austria, 29.06.-01.07.2015.
- LING, J.: Genome-wide association mapping of traits related to drought stress tolerance in European Winter Wheat. – 18th GPZ Genome Research Conference *New targets for crops of the future*, Düsseldorf, 22.-24.09.2015.
- LIU, Z.: Characterization of root senescence in barley. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- LOHWASSER, U.: Taxonomy of plant genetic resources – an interaction of morphological, molecular and phytochemical data. – HORTAX – European Cultivated Plant Taxonomists Forum 2015, Wisley/UK, 07.-09.04.2015.
- LOHWASSER, U.: Die Gemüse- und Kräuterkollektion der Genbank Gatersleben – Erhaltung und Screening als Ressource für Forschung und Züchtung. – Tagung GPZ-AG Gemüse/GFP Abteilung Gemüse, Heil- und Gewürzpflanzen, IPK, Gatersleben, Quedlinburg, 08.-09.06.2015.
- MA, W.: Role of Rad21 during inverted meiosis in *Luzula elegans*. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- MASCHER, M.: Genetische Verankerung und Anordnung von Sequenzassemblies zur Unterstützung der genom-basierten Pflanzenzüchtung. – 4. Quedlinburger Pflanzenzüchtungstage und 17. Kurt von Rümker-Vorträge, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, 25.-26.03.2015.
- MASCHER, M.: Plant variation data – what's available, which new projects are expected. – 4th transPLANT Workshop on *Mining plant variation data*, Hinxton/UK, 01.-03.07.2015.
- MASCHER, M.: Barley from Masada. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- MATROS, A., M. PEUKERT & H. P. MOCK (vorgetragen von MATROS, A.): Mass spectrometry based approaches for tissue profiling: examples from the study of barley grain development. – KU Leuven, Molecular Plant Biology, Sugar Metabolism Group, Leuven/Belgium, 10.07.2015.
- MATROS, A., A. ÖRTEL, R. WANG & H. P. MOCK (vorgetragen von MATROS, A.): Anthocyanin profiling in plants and biotechnological applications. – ARC Centre of Excellence, The University of Adelaide, Adelaide/Australia, 03.11.2015.
- MATROS, A., M. PEUKERT, D. PESHEV, W. VAN DEN ENDE & H. P. MOCK (vorgetragen von MATROS, A.): Do sugars react with ROS in planta?: Plant cell walls. – ARC Centre of Excellence, The University of Adelaide, Adelaide/Australia, 26.11.2015.
- MEIER, M.: Identification of *Arabidopsis* genes involved in ammonium sensing and signalling. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- MELZER, M.: 'Stabilstroh': a new hope for lodging resistance in rye. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- MEYER, R.C., C. KLUKAS, K. WEIGELT-FISCHER & T. ALTMANN (vorgetragen von MEYER, R. C.): Drought stress during vegetative growth in barley lines and hybrids. – Plant Organ Growth Symposium, Ghent/Belgium, 10.-12.03.2015.
- MIAZGA, D., M. CHRZĄSTEK, A.J. WORLAND, S. PETROVIC, K. KOWALCZYK, A. BÖRNER, J. SNAPE, M. NOWAK, S. OKOŃ, J. LEŚNIEWSKA-NOWAK & M. ZAPALSKA (vorgetragen von MIAZGA, D.): Forty years of co-operative research (EWAC) in Poland. – EWAC-EUCARPIA Cereals Section International Conference, Lublin/Poland, 24.-29.05.2015.
- MILJKOVIĆ, M., D. HARPKE & V. RANDELOVIĆ (vorgetragen von MILJKOVIĆ, M.): *Crocus novicae* sp. nov. from southern Albania (SW Balkan Peninsula). – 6th Balcan Botanical Congress, Rijeka/Croatia, 14.-18.09.2015.
- MILJKOVIĆ, M., D. HARPKE & V. RANDELOVIĆ (vorgetragen von MILJKOVIĆ, M.): Morphology and phylogeny in the taxonomical critical *Crocus sieberi* group. – 3rd PhD Leibniz Symposium, Berlin, 24.-25.09.2015.
- MOCK, H.P.: Novel regulators of cold-induced phenylpropanoid metabolism in *Arabidopsis thaliana*. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- MUQADDASI, Q.H., M. NAGEL, U. LOHWASSER, A. BÖRNER & M. S. RÖDER (vorgetragen von MUQADDASI, Q.H.): Genetic background of anther extrusion in hexaploid spring wheat (*Triticum aestivum* L.) to improve the hybrid wheat production. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- MUQADDASI, Q.H., U. LOHWASSER, M. NAGEL, A. BÖRNER, K. PILLEN & M. S. RÖDER (vorgetragen von MUQADDASI, Q.H.): Association mapping of anther extrusion in hexaploid spring wheat to improve the hybrid wheat production. – 18th GPZ Genome Research Conference *New targets for crops of the future*, Düsseldorf, 22.-24.09.2015.
- NAGEL, M., M. ALLAM, E. WILLNER & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Langzeitlagerung von Rapssamen – Einfluss von Inhaltsstoffen, Umwelt und Genetik auf die Keimfähigkeit. – Sommertagung der GFP-Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, IPK, Gatersleben, 27.-28.05.2015.
- NAGEL, M., A. BÖRNER, J. KODDE & S.P. GROOT (vorgetragen von NAGEL, M.): Genetics of seed longevity – artificial seed ageing at different storage conditions reveal important loci in barley. – 3rd International Conference *Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology* (PlantGen 2015), Novosibirsk/Russia, 17.-21.06.2015.
- NAGEL, M., I. KRANNER, L. COLVILLE, C. SEAL & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Does controlled deterioration of seeds mimic long-term storage in wheat and barley? – Seed Longevity Workshop 2015 of the International Society for Seed Science (ISSS), Wernigerode, 05.-08.07.2015.
- NAGEL, M. & A. BÖRNER (vorgetragen von NAGEL, M.): Seed longevity of plant genetic resources – genetic and biochemical markers reveal mechanism of seed deterioration in barley. – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- NEMAT, Z., F.R. BLATTNER & D. HARPKE (vorgetragen von NEMAT, Z.): Identification of parental species in saffron (*Crocus sativus*). – 3rd PhD Leibniz Symposium, Berlin, 24.-25.09.2015.
- OSIPOVA, S.V., A.V. PERMYAKOV, M.D. PERMYAKOVA, T.A. PSHENICHNIKOVA, V.V. VERCHOTUROV, A.V. RUDIKOVSKY, E.G. RUDIKOVSKAYA, A.A. SHISHPARENOK, A.V. DOROSHKOV & A. BÖRNER (vorgetragen von OSIPOVA, S.V.): QTL analysis of response to water deficit in D-genome introgression lines of bread wheat. – EWAC-EUCARPIA Cereals Section International

- Conference, Lublin/Poland, 24.-29.05.2015.
- PAPE, J.-M.: Supervised multi-channel classification and disease rating of detached barley leaves. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- POMMERENIG, B., T.A. DIEHN, J. FUGE, A. BIEBER, E. WILLNER & G. P. BIENERT (vorgetragen von POMMERENIG, B.): Vergleichende Analysen über den Borstatus in Bor-effizienten und -ineffizienten Rapskultivaren. – DGP Tagung 2015 *Boden, Nährstoffe, Wasser – Forschung für die nachhaltige und effiziente Nutzung von Ressourcen* (Deutsche Gesellschaft für Pflanzenernährung), Georg-August-Universität, Göttingen, 17.-18.09.2015.
- POURSAREBANI, N.: The genetic basis of composite spike form in barley and 'Miracle-Wheat'. – Annual Conference of the German Genetics Society, Kiel, 29.09.2015.
- PSHENICHNIKOVA, T.A.S., A. V. L.V. SHCHUKINA, E.K. KHELESTKINA, E.V. MOROZOVA, A.K. CHISTYAKOVA & A. BÖRNER (vorgetragen von PSHENICHNIKOVA, T.A.): Introgressions from wild cereals into bread wheat genome – a new source of genetic variability for technological properties of grain. – 3rd International Conference *Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology* (PlantGen 2015), Novosibirsk/Russia, 17.-21.06.2015.
- RAZZAK, S.H.: Towards revealing the allelic diversity of the HvGER4 gene cluster and its role in host defence against the barley powdery mildew. – XVIII. International Plant Protection Congress (IPPC) 2015, Berlin, 24.-27.08.2015.
- REHMAN ARIF, M.A., M. NAGEL, U. LOHWASSER & A. BÖRNER (vorgetragen von REHMAN ARIF, M. A.): Genetic architecture of seed longevity in wheat and its relationship with seed dormancy and pre-harvest sprouting. – Seed Longevity Workshop 2015 of the International Society for Seed Science (ISSS), Wernigerode, 05.-08.07.2015.
- REIF, J.C.: Herausforderung Ertrag: Wege zur Produktivitätssteigerung. – Thementag *Weizen*. Weizenforschung in Deutschland – Investitionen in die Zukunft unserer Landwirtschaft, Berlin, 02.12.2015.
- REIF, J.C.: Novel approaches to valorize PGR for wheat breeding. – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- RIEWE, D., J. WIEBACH, M. NAGEL, A. BÖRNER & T. ALTMANN (vorgetragen von RIEWE, D.): Metabolic marker of seed viability in long-term stored wheat (*Triticum aestivum*). – Seed Longevity Workshop 2015 of the International Society for Seed Science (ISSS), Wernigerode, 05.-08.07.2015.
- ROLLETSCHEK, H.: Metabolic architecture of the cereal caryopsis. – Kolloquium, BayerCropScience Center, Ghent/Belgium, 09.03.2015.
- ROLLETSCHEK, H.: Ergebnisse zur Qualitätsmessung an >3000 Haferakzessionen mit TD-NMR. – GPZ-Statusseminar: Stand der Forschung an der Wertschöpfungskette Hafer, Quedlinburg, 26.-27.03.2015.
- ROLLETSCHEK, H.: Mobile Echtzeit-Massenspektrometrie – ein neues Werkzeug zum Mycotoxinscreening von Pflanzen und Lebensmitteln. – GFPI Partnering Day, Berlin, 08.09.2015.
- ROLLETSCHEK, H.: The metabolic architecture of seeds: discoveries and perspectives. – Kolloquium, Donald Danforth Center, St. Louis/USA, 18.11.2015.
- ROTSCHANSKI, A.M.: GrassLandscape: Europaweite Analyse adaptiver genetischer und phänotypischer Variation in *Lolium perenne* L. – 56. Fachtagung des DLG-Ausschusses *Gräser, Klee und Zwischenfrüchte*, Bonn, 02.-03.11.2015.
- RUBTSOVA, M.: Doubled haploid technologies as important tools for efficient plant breeding. – Einbeck, 22.05.2015.
- RUBTSOVA, M., A. BÖRNER & T. ALTMANN (vorgetragen von RUBTSOVA, M.): Doubled haploid technologies as important tools for efficient plant breeding. – 3rd International Conference *Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology* (PlantGen 2015), Novosibirsk/Russia, 17.-21.06.2015.
- SCHADEL, S., M. GURUSHIDZE, S. HIEKEL, G. HENSEL, R. KARIMI ASHTIYANI, T. ISHII, M. NIESSEN, K. SCHMIDT, A. HOUBEN & J. KUMLEHN (vorgetragen von SCHADEL, S.): Establishment of genome engineering in tobacco aiming to develop novel haploid technology. – Somatische Embryogenese und Molekulare Züchtung Workshop, Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie, KWS Saat AG, Einbeck, 11.-13.05.2015.
- SCHNURBUSCH, T.: A branch repression module in Triticeae inflorescences. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- SCHOLZ, U.: How can nodes and edges support a crop genome sequencing project? – CeBiTec Colloquium, Bielefeld, 17.06.2015.
- SCHREIBER, M., A. BÖRNER & M. MASCHER (vorgetragen von SCHREIBER, M.): Implementing genotyping-by-sequencing to assess genetic diversity in rye. – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- SCHWEIZER, P.: Barley fortress – targeted exploitation of defence genes for pathogen resistance in barley. – PLANT 2030 Status Seminar 2015, Potsdam, 04.-06.03.2015.
- SCHWEIZER, P.: Precision phenotyping for cereal-powdery mildew interactions. – Kolloquium, Plant Protection Institute, Hungarian Academy of Science, Budapest/Hungary, 20.05.2015.
- SCHWEIZER, P.: Discovery of genes and genotypes for pathogen resistance with the help of phenomics tools. – 2nd Barlomics Summer School, IPK, Gatersleben, 14.-17.09.2015.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Duke University, Durham, NC/USA, 16.01.2015.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Carlsberg Laboratory, Copenhagen/Denmark, 19.03.2015.
- STEIN, N.: Next generation barley genomics. – Qinghai University, Xining/China, 10.08.2015.
- STEIN, N.: Genomanalyse wofür? Bedeutung der Genomsequenzierung für Diagnostik und Pflanzenzüchtung. – Guthsmuths Gymnasium Quedlinburg, 27.05.2015.
- STEIN, N.: Exploring and exploiting molecular diversity in cereals. – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- STOCK, J., A. PETRIDIS, H.P. MOCK & E.R.J. KELLER (vorgetragen von STOCK, J.): Identification of candidate genes related to the survival of *Arabidopsis* shoot tips after cryopreservation. – CRYO 2015: 52nd Annual Meeting of the Society for Cryobiology, Ost-rava/Czech Republic, 26.-29.07.2015.
- STOCK, J., A. PETRIDIS, H.P. MOCK & E.R.J. KELLER (vorgetragen von STOCK, J.): PR5 and WRKY22-candidate genes related to the survival of *Arabidopsis* shoot tips after cryopreservation. – SLTB Annual Conference 2015, London/UK, 29.10.2015.
- VON WIRÉN, N.: Herausforderungen bei der Verbesserung von Nährstoffeffizienzen in Kulturpflanzen. – 4. Quedlinburger Pflanzenzüchtungstage und 17. Kurt von Rümker-Vorträge, Julius Kühn-Institut, Quedlinburg, 25.-26.03.2015.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, 04.02.2015.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – INRA-CNRS, Montpellier/France, 02.04.2015.
- VON WIRÉN, N.: Modulation of root system architecture by nutrient signals. – Gregor-Men-

- del-Institut, Wien/Österreich, 29.05.2015.
- VON WIRÉN, N.: Zukünftige Herausforderungen an die Kulturpflanzenforschung. – Jahrestagung des Verbands der Deutschen Landwirtschaftlichen Untersuchungs- und Forschungsanstalten (VDLUFA), Göttingen, 16.-17.09.2015.
- VON WIRÉN, N.: Contribution of apoplastic and symplastic pathways to radial nutrient transport in roots. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- VON WIRÉN, N.: Herausforderungen bei der Verbesserung von Nährstoffeffizienzen in Kulturpflanzen. – Fakultätstag, Georg-August-Universität, Göttingen, 11.11.2015.
- WANG, R.: Phytochemical characterisation of cereals accumulating anthocyanins with potential health beneficial effects. – 11th Plant Science Student Conference 2015, IPB, Halle, 02.-05.06.2015.
- WANG, H., T. CHARNIKHOVA, H.J. BOUWMEESTER, C. SEILER, N. SREENIVASULU & M. KÜHLMANN (vorgetragen von KÜHLMANN, M.): ABA and Strigolactone plant hormone pathways interact via D27 and contribute to formation of tillers after anthesis in barley. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- WEBER, H.: Senescence-induced N remobilization and seed filling in barley. – Final Meeting, DFG-Forschergruppe 948, IPK, Gatersleben, 26.11.2015.
- WEISE, S.: C&E data in EURISCO. Discussion about use-cases for visualisation and search of C&E data. – EURISCO training workshop, Tirana/Albania, 19.-21.05.2015.
- WEISE, S.: EURISCO catalogue. Status quo & planned developments. – EURISCO training workshop, Tirana/Albania, 19.-21.05.2015.
- WEISE, S. & H. KNÜPFER (vorge-tragen von KNÜPFER, H.): Incorporation of C&E data in EURISCO. – HordEva Project Workshop, Alnarp/Sweden, 18.-19.11.2015.
- WEISE, S.: C&E datasets in EURISCO. – Workshop *Metadata standards for linking characterisation & evaluation data to genebank accessions registered in Genesys*, Amsterdam-Schiphol/The Netherlands, 23.11.2015.
- WEISE, S.: Documenting European agrobiodiversity: EURISCO, the European search portal for plant genetic resources. – GPZ Workshop *Genetic resources: conservation and trait improvement*, IPK, Gatersleben, 10.-11.12.2015.
- WESCHKE, W.: Barley grains – tissue, structure and new developmental aspects. – IPK Graduate Programm, IPK, Gatersleben, 26.03.2015.
- WESCHKE, W.: Gentechnische Veränderungen im Winterweizenkorn – Methoden und Ergebnisse. – Masterstudiengang Universität Rostock, IPK, Gatersleben, 16.06.2015.
- WESCHKE, W.: Towards identification of signals regulating endosperm differentiation in barley. – Institutstag, IPK, Gatersleben, 14.-15.10.2015.
- WILLNER, E.: Aufgaben und Arbeitsweise der Genbank Malchow bei der Erhaltung der Öl- und Futterpflanzen. – Verein der Hochschule Wismar, Malchow/Poel, 29.05.2015.
- WILLNER, E.: Aufgaben und Arbeitsweise der Genbank Malchow bei der Erhaltung der Öl- und Futterpflanzen. – Hochschule Wismar, Malchow/Poel, 04.06.2015.
- WILLNER, E.: Die Entwicklung der Öl- und Futterpflanzensortimente der IPK-Genbank am Standort Malchow. – SPD-Landtagsabgeordnete Mecklenburg-Vorpommern, Malchow/Poel, 10.07.2015.
- WILLNER, E.: Incorporation of C&E data in EURISCO. – ECPGR Forages 2020 Workshop, Alnarp/Sweden, 09.-11.11.2015.
- WILLNER, E.: A survey of forages C&E data in Europe – State-of-the-art. – ECPGR Forages 2020 Workshop, Alnarp/Sweden, 09.-11.11.2015.
- ## Datenbanken und Web-Informationssysteme/ Databases and Web Information Systems
- ### 2014
- Arend, D., Lange, M., Colmsee, C., Flemming, S., Chen, J., & Scholz, U.: elDAL-MetaData-API - store cite and share primary data. <http://edal.ipk-gatersleben.de>.
- Colmsee et al. Mol Plant 2015. BARLEX. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=270:1>:
- COLMSEE ET AL. BMC Biology 2012. OPTIMAS-DW. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=270:1>:
- COLMSEE, C., KELLER, E.R.J., OPPERMAN, M., SENULA, A., ZANKE, C., FUNKE, T., WEISE, S. & SCHOLZ, U.: EURALLIVEG Garlic and Shallot Core Collection (GSCC). http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic_resources/gsccl.
- CZAUDERNA, T. & F. SCHREIBER: SBGN-ED. <http://www.sbgnet.org>.
- DEHMER, K. & U. SCHOLZ: Wild and cultivated potato species - GLKS passport and evaluation data. Genebank satellite collections Gross Luesewitz. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/potato/index.html>.
- FREYTAG, U. & H. KNÜPFER: Secondary evaluation of accessions of the Genebank Gatersleben. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/eval/eval.html>.
- FRITSCH, R.M. & S. WEISE: Taxonomic *Allium* Reference Collection. http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic_resources/allium.
- KELLER, E.R.J. & M. OPPERMAN: The ECPGR European *Allium* Database. <http://ealldb.ipk-gatersleben.de>.
- KLUKAS, C., D. CHEN & J.-M. PAPE: IAP – The Integrated Analysis Platform for High-Throughput
- Plant Phenotyping. <http://iap.ipk-gatersleben.de>.
- KNÜPFER, H., S. WEISE & M. OPPERMAN: ECPGR European Barley Database. http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia_faba_catalogue.
- LANGE, M., J. CHEN & U. SCHOLZ: LAILAPS – The Life Science Search Engine. <http://lailaps.ipk-gatersleben.de>.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE, K. FÖRSTER & M.S. RÖDER: Association mapping and marker development of the candidate genes (1->3), (1->4)- α -D-Glucan-4-glucanohydrolase and (1->4)- α -D-Xylan-endohydrolase 1 for malting quality in barley. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/glb>, <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/X-1> & <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/Phendat>.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE & M.S. RÖDER: Association of haplotype diversity in the α -amylase gene *amy1* with malting quality parameters in barley. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/alpha-amylase>.
- OCHSMANN, J., N. BIERMANN, R. NARANG, M. OPPERMAN & H. KNÜPFER: Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Crops (including Rehm's Database of Useful Tropical and Subtropical Plants). <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/>.
- OCHSMANN, J. & R. NARANG: TaxCat2 – Database of Botanical Taxonomic Categories <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/taxcat2/>.
- OCHSMANN, J., R. NARANG & H. KNÜPFER: IPK Genebank and Taxonomy Image Database. http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/imagdata/search_names-img.htm.
- OPPERMAN, M.: IPK Malchow/Poel Wetterdaten – weather information. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=271>.
- OPPERMAN, M. & J. GRÄSSLER: IPK Gatersleben Wetterdaten – weather information. <http://wetter.ipk-gatersleben.de/>.
- OPPERMAN, M. & H. KNÜPFER: GBIS/I – Genebank Information System of the IPK Gater-

- leben. <http://gbis.ipk-gatersleben.de/>.
- PISTRICK, K., J. OCHSMANN & R. NARANG. Herbarium IPK Gatersleben. <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/herbarium/Default.htm>.
- ROHN, H., A. JUNKER, A. HARTMANN, E. GRAFAHREND-BELAU, H. TREUTLER, M. KLAPPERSTÜCK, T. CZAUDERNA, C. KLUKAS & F. SCHREIBER: Vanted 2.0. <http://www.vanted.org>.
- SCHOLZ, U., C. KÜNNE, M. LANGE, H. MIEHE & T. FUNKE: CR-EST: a resource for crop ESTs. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/cr-est>.
- SCHREIBER, F., C. COLMSEE, T. CZAUDERNA, E. GRAFAHREND-BELAU, A. HARTMANN, A. JUNKER, B.H. JUNKER, D. KOSCHÜTZKI, U. SCHOLZ & S. WEISE: MetaCrop 2.0. <http://metacrop.ipk-gatersleben.de>.
- SCHUBERT, I. & S. WEISE: Catalogue of Chromosomal and Morphological Mutants of the Broad Bean, *Vicia faba*. http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia_faba_catalogue.
- WEISE, S.: EURISCO: European Search Catalogue for Plant Genetic Resources. <http://eurisco.ipk-gatersleben.de/>
- WEISE, S., U. SCHOLZ, M.S. RÖDER & I.E. MATTHIES: MetaBrew: a comprehensive database of malting quality traits in brewing barley. <http://metabrew.ipk-gatersleben.de>.
- WILLNER, E., S. WEISE & M. OPPERMANN: The European *Poa* Database (EPDB). <http://poa.ipk-gatersleben.de>.
- 2015**
- Arend, D., A. Junker, U. Scholz, D. Schöler, J. Wylie & M. Lange: PGP Repository: A Plant Phenomics and Genomics Data Publication Infrastructure. <http://edal.ipk-gatersleben.de/repos/pgp>.
- Arend, D., M. Lange, C. Colmsee, S. Flemming, J. Chen & U. Scholz: eDAL-MetaData-API - store cite and share primary data. <http://edal.ipk-gatersleben.de>.
- Colmsee C. et al.: Mol Plant 2015. BARLEX. <http://barlex.barley-sequence.org/>.
- Colmsee C. et al.: BMC Biology 2012. OPTIMAS-DW. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=optimas>.
- Dehmer, K. & U. Scholz: Wild and cultivated potato species - GLKS passport and evaluation data. Genebank satellite collections Gross Luesewitz. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/potato/>.
- Freytag, U. & H. Knüpfper: Secondary evaluation of accessions of the genebank Gatersleben. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/eval/>.
- Fritsch, R.M. & S. Weise: Taxonomic *Allium* Reference Collection. http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic_resources/allium.
- Knüpfper, H., S. Weise & M. Oppermann: ECPGR European Barley Database. <http://ebdb.ipk-gatersleben.de/apps/ebdb/>.
- Lange, M., J. Chen & U. Scholz: LAILAPS - The Life Science Search Engine. <http://lailaps.ipk-gatersleben.de>.
- Ma, W., U. Scholz & A. Houben: RNAseq database of *L. elegans* pollen mother cells. <http://webblast.ipk-gatersleben.de/luzula/>.
- Matthies, I.E., S. Weise, K. Förster & M.S. Röder: Association mapping and marker development of the candidate genes (1->3), (1->4)-~~ED~~-Glucan-4-glucanohydrolase and (1->4)-~~EX~~-Xylan-endohydrolase 1 for malting quality in barley. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=136:1>.
- MATTHIES, I.E., S. WEISE & M.S. RÖDER: Association of haplotype diversity in the ~~€~~amylase gene *amy1* with malting quality parameters in barley. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/alpha-amylase>.
- Nagel, M, C. Colmsee, E.R.J. Keller, M. Oppermann, A. Senula, C. Zanke, T. Funke, S. Weise & U. Scholz: EURALLIVEG Garlic and Shallot Core Collection (GSCC). http://www.ipk-gatersleben.de/databases/genetic_resources/gsccl.
- Nagel, M., E.R.J. Keller & M. Oppermann: The ECPGR European *Allium* Database. <http://ealldb.ipk-gatersleben.de>.
- Ochsmann, J., N. Biermann, R. Narang, M. Oppermann & H. Knüpfper: Mansfeld's World Database of Agricultural and Horticultural Crops (including Rehm's Database of Useful Tropical and Subtropical Plants). <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/>.
- Ochsmann, J. & R. Narang: TaxCat2 - Database of Botanical Taxonomic Categories. <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=mansfeld-app:taxcat2>.
- Ochsmann, J., R. Narang & H. Knüpfper: IPK Genebank and Taxonomy Image Database. http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/imagdata/search_names-img.htm.
- Oppermann, M.: IPK Malchow/Poel Wetterdaten - weather information. <http://apex.ipk-gatersleben.de/apex/f?p=271>.
- Oppermann, M. & J. Grässler: IPK Gatersleben Wetterdaten - weather information. <http://wetter.ipk-gatersleben.de/>.
- Oppermann, M. & H. Knüpfper. GBIS/I - Genebank Information System of the IPK Gatersleben. <http://gbis.ipk-gatersleben.de/>.
- Pistrick, K., J. Ochsmann & R. Narang: Herbarium IPK Gatersleben. <http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/herbarium/Default.htm>.
- Rohn, H., A. Junker, A. Hartmann, E. Grafarend-Belau, H. Treutler, M. Klapperstück, T. Czauderna, C. Klukas & F. Schreiber: Vanted 2.0. <http://www.vanted.org>.
- Scholz U. et al: IPK Barley BLAST Server. <http://webblast.ipk-gatersleben.de/>.
- Scholz, U., C. Künne, M. Lange, H. Miehle & T. Funke: CR-EST: a resource for crop ESTs. <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/cr-est>.
- Schreiber, F., C. Colmsee, T. Czauderna, E. Grafarend-Belau, A. Hartmann, A. Junker, B.H. Junker, D. Koschützki, U. Scholz & S. Weise: MetaCrop 2.0. <http://metacrop.ipk-gatersleben.de>.
- Schubert, I. & S. Weise: Catalogue of Chromosomal and Morphological Mutants of the Broad Bean, *Vicia faba*. http://www.ipk-gatersleben.de/databases/vicia_faba_catalogue.
- Weise, S.: EURISCO: European Search Catalogue for Plant Genetic Resources. <http://eurisco.ipk-gatersleben.de/>.
- Weise, S., U. Scholz, M.S. Röder & I.E. Matthies: MetaBrew: a comprehensive database of malting quality traits in brewing barley. <http://metabrew.ipk-gatersleben.de>.
- Willner, E., S. Weise & M. Oppermann: The European *Poa* Database (EPDB). <http://poa.ipk-gatersleben.de>.

Vom Institut organisierte Tagungen und Veranstaltungen/ Meetings and Conferences organised by IPK

2014

3rd B-Chromosome Conference
7. bis 9. April 2014, Gatersleben
46 Teilnehmer

Tag der offenen Tür
17. Mai 2014, Gatersleben
ca. 400 Teilnehmer

Tag der offenen Tür der Außenstelle Nord
24. Mai 2014, Malchow/Poel
ca. 300 Teilnehmer

10th Plant Science Student Conference (PSSC)
2. bis 5. Juni 2014, Gatersleben
68 Teilnehmer

European Plant Breeding Academy
23. bis 29. Juni 2014, Gatersleben
21 Teilnehmer

1th International Workshop on Barley Mutant Research
27. und 28. Juni 2014, Gatersleben
52 Teilnehmer

EUCARPIA Cereals Section – ITMI Joint Conference
Cereals for Food, Feed and Fuel Challenge for Global Improvement
29. Juni bis 4. Juli 2014, Wernigerode
330 Teilnehmer

17th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants (ISINIP)
6. bis 10. Juli 2014, Gatersleben
137 Teilnehmer

Richtfest für neue Pflanzenkulturbauhalle
12. September 2014, Gatersleben
50 Teilnehmer

Treffen mit internationalem Gertenkonsortium
22. und 23. September 2014,

Gatersleben
25 Teilnehmer

Workshop EU-Forschungsförderung – Möglichkeiten und Wege für das IPK Gatersleben
1. Oktober 2014, Gatersleben
40 Teilnehmer

Projekt Meeting DFG-PREDICT
30. Oktober 2014, Gatersleben
18 Teilnehmer

Findungstreffen *Projektiadee IPN, IPK, Grünes Labor*
6. November 2014, Gatersleben
7 Teilnehmer

Gesundheitstag des IPK *Pflege und Vorsorge*
5. November 2014, Gatersleben
ca. 300 Teilnehmer

1. PostDoc-Retreat *Planbarkeit und Perspektiven für den wissenschaftlichen Nachwuchs*
11. und 12. November 2014, Gatersleben
31 Teilnehmer

Verleihung des Gaterslebener Forschungspreises 2014
10. Dezember 2014, Gatersleben
ca. 20 Teilnehmer

2015

Herstellung und Anwendung lignocellulolytischer Enzyme mit *Arxula adeninivorans*
23. Februar 2015
18 Teilnehmer

Bildungsausschuss des Landtages Sachsen-Anhalt
11. März 2015, Gatersleben
25 Teilnehmer

Bioassays zur Detektion von Gluten
19. März 2015, Gatersleben
21 Teilnehmer

Produktion von 2,3-Butandiol mit *Arxula adeninivorans*
8. April 2015, Gatersleben
14 Teilnehmer

Gaterslebener Gespräch *Mensch und Natur im Zeitalter des Anthropozän*
7. bis 8. Mai 2015, Gatersleben
70 Teilnehmer

Tag der offenen Tür der Außenstelle Nord
30. Mai 2015, Malchow/Poel
ca. 300 Teilnehmer

Tag der offenen Tür und 7. Fest der Begegnung
6. Juni 2015, Gatersleben
1.200 Teilnehmer

Entwicklung eines Sorptionsverfahrens mit biologisch abbaubaren Materialien und enzymatischer Entfernung der darin enthaltenen gesundheitlich bedenklichen organischen Stoffe
17. Juni 2015, Gatersleben
18 Teilnehmer

The First General Meeting of COST Action FA1306 *The Quest for Tolerant Varieties – Phenotyping at Plant and Cellular Level*
22. bis 24. Juni 2015, Gatersleben
150 Teilnehmer

International Society for Seed Science (ISSS) Seed Longevity Workshop *Seeds for future generations – Determinants of longevity*
5. bis 8. Juli 2015, Wernigerode/Gatersleben
212 Teilnehmer

Bioassays auf Basis von Bindeproteinen als Screeningverfahren zur Detektion von Gluten
28. August 2015, Gatersleben
15 Teilnehmer

2nd BARLOMICS Summer School Minisymposium
14. bis 17. September 2015, Gatersleben
45 Teilnehmer

Produktion von Biofuels mit transgenen *Arxula adeninivorans* Stämmen
14. Oktober 2015, Gatersleben
12 Teilnehmer

Biotechnologisches Recycling von Elektronikschrott
4. November 2015, Gatersleben
11 Teilnehmer

KALT-Workshop und Symposium Gemeinschaft Deutscher Kryobanken e.V. (GDK)
25. bis 27. November 2015, Gatersleben
40 Teilnehmer

Workshop de.NBI
7. Dezember 2015, Gatersleben
33 Teilnehmer

GPZ Workshop Genetic Resources: Conservation and Trait Improvement
10. bis 11. Dezember 2015, Gatersleben
80 Teilnehmer

Enzymatische Entfernung Pharmazeutika im Abwasser
16. Dezember 2015
16 Teilnehmer

Beteiligung an der Organisation externer Veranstaltungen/ Participation in Organising External Meetings

2014

Thema	Zeitpunkt der Veranstaltung Ort Land	Veranstalter/Mitorganisatoren (beteiligte Einrichtungen)	Art der Veranstaltung (national/inter-nat.)	Anzahl Teilnehmer
10 th International Symposium on Integrative Bioinformatics	12.-14.05.2014 Newcastle UK	Universität Newcastle, GB und IMBO e.V. Dr. U. Scholz, Dr. S. Weise (<i>Programm-Komitee</i>) M. Lange (<i>Mitglied des Organisationskomitees</i>)	international	65
1 st YEASTCELL Summer School Biocatalytic potential of yeasts	30.06.- 04.07.2014 Milan Mailand	University of Milano-Bicocca Prof. Dr. G. Kunze (<i>Scientific committee</i>)	international	ca. 60
19 th Triennial Conference of the European Association for Potato Research (EAPR)	06.-11.07.2014 Brussels Belgium	EAPR J.P. Goffart (Chairman) Dr. K.J. Dehmer (<i>Scientific committee</i>)	international	410
Asilomar Conference Center Pacific Grove, Plant Genome Stability and Change	17.-20.07.2014 California USA	Prof. Dr. I. Schubert (<i>Mitorganisator</i>)	international	ca. 150
Conference on Plant Nutrition 2014	10.-12.09.2014 Halle Germany	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg Prof. Dr. N. von Wirén (<i>Mitorganisator</i>)	international	140
7. Tagung für Arznei- und Gewürzpflanzenforschung	14.-17.09.2014 Wien Österreich	Uni Wien und Deutscher Fachausschuss Arznei-, Gewürz- und Aromapflanzen (DFA) Dr. U. Lohwasser (<i>Mitglied im wissenschaftl. Komitee</i>)	international	ca. 100
Tagung <i>Future Seeds – Production, Marketing, Utilization and Conservation</i>	24.-26.11.2014 Gumpenstein Österreich	Arbeitsgemeinschaft Saatgut- und Sortenwesen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (GPW), der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) und Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs Priv.-Doz. Dr. A. Börner (<i>Co-Organisator</i>)	international	136

2015

Thema	Zeitpunkt der Veranstaltung Ort Land	Veranstalter/Mitorganisatoren (beteiligte Einrichtungen)	Art der Veranstaltung (national/inter-nat.)	Anzahl Teilnehmer
EWAC – The European Cereals Genetics Co-operative Conference	24.-29.05.2015 Lublin Poland	EUCARPIA Priv.-Doz. Dr. A. Börner (Co-organisier)	international	47
DROPS (Drought-tolerant yielding Plants) Conference on Drought Tolerance	08.-09.06.2015 Montpellier France	EUCARPIA Priv.-Doz. Dr. A. Börner (Co-organisier)	international	307
The 3 rd International Conference <i>Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology</i>	17.-21.06.2015 Novosibirsk Russia	Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences Priv.-Doz. Dr. A. Börner (Co-organisier)	international	143
Conference on Rye Breeding and Genetics	24.-26.06.2015 Wroclaw Poland	EUCARPIA Priv.-Doz. Dr. A. Börner (Co-organisier)	international	81
Symposium Section Fodder Crops and Amenity Grasses, Workshop 2: Phenotyping	14.-16.09.2015 Ghent Belgium	EUCARPIA Prof. T. Altmann	international	30
11 th Integrative Bioinformatics Workshop	14.-16.10.2015 Bari Italy	The Joint Network Tools and Applications for Biology (NETTAB) M. Lange (Joined Chair of the Organising committee)	international	60

Berufungen, Ehrungen, Preise/ Appointments, Honours, Awards

2014

Im Rahmen der Plant Science Student Conference, die vom 2. bis 5. Juni 2014 im IPK durchgeführt wurde, erhielten Andre Marques den 1. Preis Best Talk Award, Lala Aliyeva-Schnorr den 2. Preis Best Talk Award und Maja Jankowska den 3. Preis Best Talk Award. Sie gehören zur Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, die von Dr. Andreas Houben geleitet wird.

Auf der Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Pflanzenernährung (DGP), die vom 10. bis 12. September 2014 an der Martin-Luther-Universität in Halle/S. stattfand, wurde Frau Nicole Schmid, Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung, mit dem Promotionspreis 2014 ausgezeichnet.

Am 15. September 2014 wurde Herr Priv.-Doz. Dr. Andreas Börner mit der *Medal for the Research Cooperation with the Faculty of Agrobiotechnology* ausgezeichnet. Die Verleihung der Medaille wurde in der Fakultät für Agrarbiotechnologie der Lebenswissenschaften der Universität Lublin, Polen, vorgenommen.

Die Wissenschaftler aus der Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion des IPK, Steven Dreißig, Dr. Jörg Fuchs und Dr. Andreas Houben erreichten im Rahmen des Ideenwettbewerbs Scidea 2014 einen zweiten Platz in der Kategorie Dienstleistung mit einer für Pflanzenzüchter hilfreichen Idee *Genomweites Single Pollen Genotyping*. Die Preisverleihung fand am 14. Oktober 2014 im Stadion des halleischen Fußballclubs unter der Teilnahme des Ministers für Wissenschaft und Wirtschaft des Landes Sachsen-Anhalt, Hartmut Möllring und Prof. Dr. Michael Bron, Prorektor für Forschung und wissenschaftlichen Nachwuchs der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg statt.

2015

Am 9. Januar 2015 wurde Priv.-Doz. Dr. Udo Conrad, Leiter der Arbeitsgruppe *Phytoantikörper* des IPK vom Rektor der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg der Titel eines außerplanmäßigen Professors verliehen. Herr Conrad erhielt diese Ehrung vom Land Sachsen-Anhalt aufgrund seiner langjährigen Lehr-, Forschungs- und internationalen Gutachter- und Editortätigkeit im Fachgebiet *Molecular Pharming*.

Priv.-Doz. Dr. sc. nat. Thorsten Schnurbusch
Since January 2015, PD Dr. T. Schnurbusch has been awarded a HEISENBERG-Research Fellowship by the DFG.

Ebenfalls im Januar wurde Herr Prof. Dr. Nicolaus von Wirén zum Präsidenten der Deutschen Gesellschaft für Pflanzenernährung (DGP) gewählt.

Dr. Nils Stein
Adjunct Professor – Plant Biology in The University of Western Australia.

Priv.-Doz. Dr. Andreas Börner
Award on the occasion of 50 years of EWAC (European Cereals Genetics Cooperative), Lublin, Poland, 15. Mai 2015.

Den 11. Rudolf Mansfeld Preis für die beste Abschlussarbeit auf dem Gebiet der Kulturpflanzenforschung teilen sich 2015 Christian Colmsee, IPK, für eine bioinformatische Studie zur Sequenzierung des Gerstengenoms und Lisa Bertram, Universität Göttingen. Mit dem Preis unterstützt die Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V. seit 1993 junge Wissenschaftler. Die Preisverleihung fand am 14. Oktober im Hörsaal des IPK statt.

Am 15. Oktober 2015 wurde zum fünften Mal der Beagle-Award vergeben. Preisträger ist Dr. Ravi Koppulu, dem die Ehrung gemeinsam vom Direktorium und PhD Student Board des Instituts für Pflanzenengenetik und Kulturpflanzenforschung verliehen wurde. Er ist Postdoktorand in der von Dr. Thorsten Schnurbusch geleiteten, unabhängigen Heisenberg-Forschungsgruppe

pe Pflanzliche Baupläne und forscht seit 2010 am IPK.

Arbeitsaufenthalte von Gästen im IPK/Guest Researchers at the IPK

(ab einer Woche, ohne Schüler, Praktikanten, Studenten)

Prof. Dr. Anna Magdalen Wobus, 01.01.2014 bis 31.07.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. A. Graner/Geschäftsführender Direktor).

Abteilung Genbank

Dr. Luke Ramsay, James Hutten Institute Invergowrie, Dundee, UK, 23.06.2014 bis 28.06.2014, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Mingjiu Li, Humboldt-Universität Berlin, Berlin, Deutschland, 01.01.2012 bis 30.09.2014, Eigenfinanzierung/China Scholarship Council – CSC; 01.01.2015 bis 30.04.2015, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Simeon Hengari, Cape Institute for Agricultural Training, Elsenburg, Südafrika, 27.09.2012 bis 17.05.2014, Finanzierung durch Stipendium der Alexander von Humboldt Foundation/ Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Dr. Adel Hasan Abdel-Ghani, Mu'tah University, Faculty of Agriculture, Karak, Jordanien, 10.06.2014 bis 09.09.2014, Finanzierung durch DFG Scholarship (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Prof. Karl Hammer, 15.04.2013 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung/IPK (Prof. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Dr. Ruijun Duan, Qinghai University, Qinghai, China, 20.01.2015 bis 20.04.2015, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Dr. Andrey Kochevenko, 01.12.2015 bis 31.05.2016, Eigenfinanzierung (Prof. A. Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Neele Wendler, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale; Deutschland, 01.07.2015 bis 30.06.2016, Eigenfinanzierung (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität/ Genomik genetischer Ressourcen).

Ping Yang, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln, Deutschland, 01.04.2014 bis 31.03.2015, Max-Planck-Postdoc-Scholarship (Dr. N. Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität).

Khoulood Kywan, Universität Kassel, Kassel, Deutschland, 08.10.2012 bis 30.06.2015, Eigenfinanzierung (Dr. H. Knüpfner/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation).

Dr. Nargiz Garaybayova, Genetic Resources Institute of ANAS, Baku, Azerbaijan, 04.07.2014 bis 10.07.2014, Eigenfinanzierung (Dr. H. Knüpfner/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation).

Dr. Nikolaya Velcheva, Institute of Plant Genetic Resources K. Malkov, Sadovo, Bulgarien, 05.07.2015 bis 11.07.2015, Finanzierung durch ERASMUS-Scholarship (Dr. H. Knüpfner/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation).

Dr. Eleonora Chiera, Università degli Studi Mediterranea, Calabrien, Italien, 30.08.2014 bis 30.04.2015, Finanzierung durch POR Calabria (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie; Dr. H. Knüpfner/Arbeitsgruppe Genbankdokumentation).

Mai Allam, National Research Center (NRC), Plant Biotechnology Department, Cairo, Ägypten, 04.04.2011 bis 31.03.2015; 01.11.2015 bis 30.11.2015 und 04.12.2015 bis 31.12.2015, Finanzierung durch DAAD-Scholarship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).

Allah Bakhsh, Agricultural Research Council (PARC), Islamabad, Pakistan, 01.09.2012 bis 31.10.2015, Finanzierung

- durch DAAD-Scholarship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Pavla Kolácková, Mendelova University, Brno, Tschechische Republik, 08.01.2014 bis 05.04.2014, ERASMUS-Fellowship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Yalem Tesfay Kahsay, Ethiopian Biodiversity Institute (EBI), Addis Abeba, Äthiopien, 02.06.2014 bis 29.08.2014, Finanzierung durch GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Seid Ahmed Mohammed, Ethiopian Institute of Agricultural Research (EIAR), Holeta, Äthiopien, 02.06.2014 bis 29.08.2014, Finanzierung durch GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Gebrhud Gerezgiher Mekonen, Ethiopian Biodiversity Institute (EBI), Addis Abeba, Äthiopien, 12.05.2015 bis 06.11.2015, Finanzierung durch GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Habete Mikiyas Teshome, Ethiopian Biodiversity Institute (EBI), Addis Abeba, Äthiopien, 12.05.2015 bis 06.11.2015, Finanzierung durch GIZ (Dr. U. Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Dr. Fernando Arana-Ceballo, 16.11.2014 bis 15.05.2016, Eigenfinanzierung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Alberto Manasse Laginha, 01.04.2015 bis 31.03.2016, Eigenfinanzierung (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Dr. Gergana Desheva, The National Seed Genebank, Institute of Plant Genetic Resources K. Malkov, Sadovo, Bulgarien, 09.08.2015 bis 21.08.2015, ERASMUS-Fellowship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Rasha Tarawneh Abdel-Hadi Sulaman, Jordanian University, Amman, Jordanien, 30.09.2015 bis 30.09.2018, Finanzierung durch DAAD-Scholarship (Dr. A. Börner/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion).
- Kamatichi Ulagappan, Vels University, Department of Biotechnology, Pallavaram/Chennai, Indien, 30.09.2014 bis 30.09.2017, Finanzierung durch DAAD (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung).
- Leila Gafarzadeh Namazi, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran, 21.02.2014 bis 20.08.2014, Eigenfinanzierung (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung).
- Biao Wang, Northwest A & F University, College of Horticultural, Yangling, China, 23.10.2013 bis 30.04.2014, Finanzierung durch China Scholarship Council (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung).
- Dr. Andrea Kodym, Universität Wien, Abteilung Pharmakognosie, Wien, Österreich, 16.02.2015 bis 27.02.2015, Eigenfinanzierung (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung).
- Dr. Esther Eyiuche Uchendu, University of Ibadan, Department of Agronomy, Ibadan, Nigeria, 01.03.2015 bis 31.05.2015, Finanzierung durch DFG (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung).
- Dr. Surendra Malik, Tissue Culture Cryopreservation Unit, National Bureau of Plant Genetic Resources, Pusa Campus, New Delhi, Indien, 19.09.2015 bis 09.10.2015, Finanzierung durch Bundesverband Deutscher Pflanzenzüchter (Dr. J. Keller/Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung).
- David Dvorak, Palacký University, Biosystematics and Ecology, Department of Botany, Olomouc, Tschechien, 06.01.2014 bis 06.04.2014, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Zahra Nemati, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 26.09.2014 bis 26.09.2017, Finanzierung durch DAAD (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Simon Pfanztel, Universität Oldenburg, Oldenburg, Deutschland, 05.05.2014 bis 09.05.2014; 02.10.2014 bis 15.11.2014 und 09.12.2014 bis 31.01.2015, Finanzierung durch DFG (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Dr. Lilian Ferrufino Acosta, *Universidad Nacional Autónoma de Honduras*, Department de Biología, Tegucigalpa, Honduras, 27.05.2014 bis 27.07.2014, Finanzierung durch DAAD (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Dr. Enoch Gbenato Achigan-Dako, University of Abomey-Calavi, Cotonou, Benin, 18.08.2014 bis 05.09.2014, Finanzierung durch Reisestipendium der University of Abomey-Calavi (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Ali Bagheri, Isfahan University, Isfahan, Iran, 01.08.2014 bis 19.10.2014, Finanzierung durch Isfahan University und Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Levent Can, Istanbul University und Universität Oldenburg, Istanbul/Oldenburg, Türkei/Deutschland, 01.09.2014 bis 07.09.2014, Finanzierung durch DAAD und Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Dr. Dörte Harpke, 01.12.2013 bis 28.02.2014 und 01.06.2014 bis 31.05.2015, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Nadine Bernhardt, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale; Deutschland, 01.12.2014 bis 30.11.2015, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Katja Herrmann, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale; Deutschland, 01.02.2015 bis 31.12.2016, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Jonathan Brassac, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale; Deutschland, 01.10.2013 bis 28.02.2014; 01.03.2015 bis 14.07.2015, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Shah Mahmud Faqiri, Agriculture Faculty of Balkh University, Balkh, Afghanistan, 04.06.2015 bis 30.06.2015, Finanzierung durch DAAD (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Dr. Heike Heklau, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Institut für Geobotanik, Halle/Saale, Deutschland, 06.03.2015 bis 31.12.2015, Finanzierung durch MLU (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Milica Miljkovic, University of Belgrade, Belgrade, Serbia, 02.07.2015 bis 23.12.2015, Finanzierung durch DAAD (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Prof. Dietmar Quandt, Universität Bonn, Bonn, Deutschland, 07.09.2015 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).
- Dr. Reinhard Fritsch, 01.10.2009 bis 31.12.2015, Finanzierung durch DFG (Dr. F. Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie).

Abteilung Züchtungsforschung/Department of Breeding Research

- Albert Wilhelm Schulthess Börgel, Pontificia Universidad Católica de Chile, Faltad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Santiago, Chile, 01.06.2014 bis 31.05.2017, Finanzierung durch DAAD (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Yu Wang, Universität Hohenheim, Hohenheim-Stuttgart, Deutschland, 31.03.2013 bis 28.02.2015, Finanzierung durch BMBF-Scholarship (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).

- Tran Duc Trung, Plant Resource Center (PRC), Division of Agricultural Biodiversity, Vietnam Academy of Agricultural Science, Hanoi, Vietnam, 17.09.2011 bis 30.09.2015, Finanzierung durch MOET/DAAD-Stipendium Vietnam (Prof. Dr. I. Schubert und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Guozheng Liu, Universität Hohenheim, Stuttgart-Hohenheim, Deutschland, 01.11.2013 bis 30.06.2014, Finanzierung durch Universität Hohenheim/IPK (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Yuan Yuan, Universität Hohenheim, Hohenheim-Stuttgart, Deutschland, 01.11.2013 bis 31.12.2014, Finanzierung durch Universität Hohenheim (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Dr. Florian Michael Mette, Universität Hohenheim, Hohenheim-Stuttgart, Deutschland 01.01.2013 bis 30.06.2014, Finanzierung durch Projektmittel der Universität Hohenheim (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Prof. Dr. Ingo Schubert, 01.01.2013 bis 31.05.2020, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Thi Nhu Phuo Hoang, Plant Resource Center (PRC), Division of Agricultural Biodiversity, Vietnam Academy of Agricultural Science, Hanoi, Vietnam, 07.01.2015 bis 30.11.2018, Finanzierung durch MOET/DAAD-Stipendium Vietnam (Prof. Dr. I. Schubert und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Pavla Polanska, Masaryk University, Brno, Tschechische Republik, 18.01.2015 bis 17.02.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. I. Schubert und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Pansa Monkheang, University of Khon Kaen, Khon Kaen, Thailand, 01.06.2015 bis 08.10.2015, Eigenfinanzierung/IPK (Prof. Dr. I. Schubert und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Anna Nowicka, Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsfor-
- schung, Köln, Deutschland, 24.11.2015 bis 29.11.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. I. Schubert und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik).
- Matthias Klapperstück, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.11.2014 bis 30.06.2016, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).
- Carlos Perez Cantalapiedra, Estación Experimental de Aula Dei, Zaragoza, Spanien, 12.05.2014 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).
- Burkhard Steuernagel, Sainsbury Laboratory, Norwich, Großbritannien, 01.04.2012 bis 31.03.2014, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).
- Tobias Czauderna, Monash University, Melbourne, Australien, 04.08.2014 bis 28.02.2015, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).
- Dr. Malgorzata Czernicka, University of Agriculture Krakow, Department of Genetics, Plant Breeding and Seed Science, Krakow, Polen, 01.01.2012 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).
- Florian Schilling, Hochschule Anhalt, Köthen, Deutschland, 01.10.2015 bis 31.03.2016, Eigenfinanzierung (Dr. U. Scholz/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie).
- Tiago Ribeiro, Universidad Federal de Pernambuco, Departamento de Micologia, Recife, Brasilien, 05.04.2014 bis 06.10.2014, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Gabriela Barreto Reis, University of Lavras, Lavras, Brasilien, 27.08.2014 bis 31.08.2015, Finanzierung durch University-Lavras-Fellowship (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Marie-Edith Chaboute, Institute de Biologie Moléculaire et Cellulaire (CNRS), Strasbourg, Frankreich, 09.04.2014 bis 12.04.2014, Finanzierung durch DAAD (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Ali Mohammad Banaei Mozhaddam, 01.05.2014 bis 15.09.2014, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Lu Ma, University of London, Queen Mary and Westfield College, Biological and Chemical Science, London, Großbritannien, 18.10.2012 bis 26.09.2015, Finanzierung durch Marie-Curie-Fellowship (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Wei Ma, Northwest A&F University, Shaanxi, China, 27.09.2012 bis 26.09.2016, Finanzierung durch China Scholarship Council - CSC (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Prof. Dr. Ghader Mirzaghaderi, University of Kurdistan, Department of Agronomy and Plant Breeding, School of Agriculture, Sanandaj, Iran, 12.06.2014 bis 08.09.2014, Finanzierung durch DAAD (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Sergey Mursalimov, Institute of Cytology and Genetics (ICG), Novosibirsk, Russland, 01.09.2014 bis 31.10.2014, Finanzierung durch DAAD (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- André Seco Marques da Silva, Universidade de Federal de Pernambuco, Recife, Brasilien, 08.04.2014 bis 30.09.2014, Finanzierung durch Sandwich-Stipendium; 04.08.2015 bis 21.08.2015, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Ekatarina Badaeva, Laboratory of Molecular Karyology, Engelhardt Institute of Molecular
- Biology, Moskau, Russland, 17.09.2014 bis 14.10.2014, Finanzierung durch Scholarship DFG (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Eva Tomastikova, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Prag, Tschechische Republik, 23.10.2014 bis 22.11.2014; 09.03.2015 bis 20.05.2015, Eigenfinanzierung; 30.08.2015 bis 20.10.2015, Finanzierung durch DAAD/SFB (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Mariana Báez, Federal University of Pernambuco (UFPE), Recife, Brasilien, 16.06.2015 bis 05.06.2016, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Fernanda Oliveira Bustamante, University of Lavras, Lavras, Brasilien, 28.03.2015 bis 31.03.2016, Finanzierung durch Scholarship CNPG Brasilien (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Laiane Corsini Rocha, University of Lavras, Lavras, Brasilien, 01.06.2014 bis 06.01.2015, Finanzierung durch University-Lavras-Fellowship (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Stephan Heckmann, University of Birmingham, School of Biosciences, Birmingham, UK, 05.07.2015 bis 17.07.2015, Finanzierung durch University of Birmingham (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Martina Dvorackova, Masaryk University, Brno, Tschechische Republik, 05.10.2015 bis 24.10.2015, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Eleazar Gomes, University of Copenhagen, Copenhagen, Dänemark, 09.11.2015 bis 13.11.2015, Finanzierung durch University of Copenhagen (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).

- Aretuza Sousa dos Santos Sousa, Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland, 15.03.2015 bis 26.03.2015, Finanzierung durch Universität München (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Kinga Sedzielewska, Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland, 17.04.2015 bis 26.04.2015, Finanzierung durch DFG der Universität München; 20.09.2015 bis 03.10.2015, Eigenfinanzierung (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Dr. Armin Meister, 01.12.2012 bis 31.12.2018, Eigenfinanzierung/IPK (Dr. A. Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion).
- Tiina Liiving, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 29.09.2014 bis 31.12.2014; 01.07.2015 bis 30.06.2016, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T.F. Sharbel und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Dr. Dorota Paczesniak, ETH Zürich, Zürich, Schweiz, 20.01.2014 bis 30.07.2015, Finanzierung durch Scholarship Swiss National Science Foundation (Prof. Dr. T.F. Sharbel und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Lubos Majesky, Palacký University, Department of Botany, Olmouc, Tschechische Republik, 07.09.2014 bis 24.09.2014; 30.03.2015 bis 30.04.2015; 25.05.2015 bis 30.06.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Zdenek Spisek, Palacký University, Department of Botany, Olmouc, Tschechische Republik, 09.02.2015 bis 08.04.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).
- John Thomson Lovell, University of Texas, Austin, USA, 02.05.2015 bis 17.05.2015, Finanzierung durch University of Texas (Prof. Dr. T.F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Matthew Rodman, Stanford University, Stanford, Vereinigte Staaten, 15.06.2015 bis 11.09.2015, Finanzierung durch DAAD (Prof. Dr. T.F. Sharbel und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Marco Pellino, 01.09.2015 bis 01.09.2016, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T.F. Sharbel und Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Prof. Timothy Sharbel, 01.09.2015 bis 31.08.2020, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. J.C. Reif/Arbeitsgruppe Apomixis).
- Dr. Wanxin Chen, 01.08.2013 bis 31.03.2014, Eigenfinanzierung, (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).
- Tobias Baum, Fraunhofer Institut für Fabrikbetrieb und Automatisierung (IFF), Magdeburg, Deutschland, 01.07.2014 bis 31.12.2015, Finanzierung durch IPK (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).
- Dr.-Ing. Alexander Ihlow, Technische Hochschule Ilmenau, Ilmenau, 01.01.2012 bis 31.12.2015, Finanzierung durch TH Ilmenau (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).
- Jamil Chowdhury, University of Adelaide, Centre of Adelaide (ARC), School of Agriculture, Food and Wine, Adelaide, Australien, 18.05.2014 bis 27.06.2014, Finanzierung durch University of Adelaide und Eigenfinanzierung (Dr. P. Schweizer/Arbeitsgruppe Pathogenstress-Genomik).
- Dr. Stephan Marzin, 01.07.2014 bis 31.12.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dr. Inge Matthies, 01.01.2013 bis 31.12.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dr. Jose Luis Diaz De Leon, Universidad de Baja California, La Paz, Mexiko, 14.06.2014 bis 14.07.2014, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dr. Elena Salina, Institute of Cytology and Genetics (ICG), Novosibirsk, Russland, 29.06.2014 bis 02.07.2014, Finanzierung durch BMLE-Projekt (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Quddoos ul Haq Muqaddasi, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 30.09.2014 bis 30.09.2017, Finanzierung durch DAAD (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dr. Cornelia Jaenecke, 16.03.2015 bis 31.12.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Prof. Mohsen Ebrahimi, University of Teheran, Teheran, Iran, 20.07.2015 bis 31.12.2016, Finanzierung durch University of Teheran (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dalia Alomari, Jordan University of Science & Technology, Irbid, Jordanien, 01.09.2015 bis 31.08.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dr. Jie Ling, 01.10.2015 bis 30.09.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dr. Christine Zanke, 01.10.2015 bis 30.09.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Röder/Arbeitsgruppe Gen- und Genomkartierung).
- Dung Phuong Le, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 24.09.2011 bis 30.09.2015, Finanzierung durch MOET/DAAD-Stipendium; 01.10.2015 bis 31.03.2016, Eigenfinanzierung (Dr. R. Schmidt/Arbeitsgruppe Genomplastizität).
- Loan Than Le, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.07.2014 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Dr. R. Schmidt/Arbeitsgruppe Genomplastizität).
- Dr. Kambiz Baghalian, Islamic Azad University, Department of Horticulture, Faculty of Agriculture, Tehran, Iran, 01.06.2012 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik; Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Hea-Jung Jeon, Kyung Hee University, Department of Horticultural Biotechnology, College of Life Science, Youngin-si, Republik Korea, 01.04.2014 bis 30.06.2015, Finanzierung durch Stipendium der koreanischen Regierung/Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann; Dr. R. Meyer/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Prof. Dr. Seok-Hee Hong, University of Sydney, School of IT Building, Sydney, Australien, 17.03.2014 bis 30.06.2014, Finanzierung durch Humboldt-Stipendium (Prof. Dr. F. Schreiber/Arbeitsgruppe Pflanzenbioinformatik; Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Eva Grafarend-Belau, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.03.2014 bis 28.02.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Jan Hüge, Grasslands Research Centre Tennent Drive, Plamerston; Neuseeland, 07.04.2014 bis 11.04.2014, Finanzierung durch BMVEL-Projekt (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Prof. Dr. Falk Schreiber, Monash University, Clayton School of IT, Victoria, Australia, 01.05.2014 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Moses Mahugu Muraya, 01.08.2014 bis 31.07.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Magdalena Pawelkowicz, Maize Research Institute Zemun Polje, Belgrade, Serbia, 15.01.2015 bis 27.03.2015, Finanzierung durch EPPN Transnational Access (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dijun Chen, 01.05.2015 bis 31.10.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).

Abteilung Molekulare Genetik/Department of Molecular Genetics

- Ulrich Lutz, TU München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Freising, Deutschland, 08.06.2015 bis 31.07.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Sofija Bozinovic, Maize Research Institute Zemun Polje, Belgrade, Serbia, 24.09.2015 bis 24.11.2015, Finanzierung durch EPPN Transnational Access (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Dejan Dodig, Maize Research Institute Zemun Polje, Belgrade, Serbia, 24.09.2015 bis 24.11.2015, Finanzierung durch EPPN Transnational Access (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Ana Nikolic, Maize Research Institute Zemun Polje, Belgrade, Serbia, 11.10.2015 bis 20.11.2015, Finanzierung durch EPPN Transnational Access (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Alexander Feiner, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 12.10.2015 bis 23.10.2015; 23.11.2015 bis 23.12.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Miroslava Rubtsova, 01.12.2015 bis 31.05.2016, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. T. Altmann/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Dr. Miro Sotak, Pavol-Josef-Safarik University, Kosice, Slowakei, 04.04.2014 bis 24.04.2014, Eigenfinanzierung (Dr. L. Altschmied/Arbeitsgruppe Heterosis).
- Van Tran Thi Thuy, Agricultural Science Institute of Nothern Central Vietnam, Vinh-City, Vietnam, 21.08.2011 bis 31.08.2015, Finanzierung MOET-Stipendium (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).
- Maria Isabel Mora Ramirez, Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica, 01.10.2011 bis 30.09.2015, Finanzierung durch DAAD (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).
- Franka Andersch, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.11.2014 bis 30.04.2015, Eigenfinanzierung (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).
- Stefan Kohl, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.08.2015 bis 31.07.2016, Eigenfinanzierung (Dr. W. Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung).
- Bui Thi Mai Huong, Universität Bayreuth, Bayreuth, Deutschland, 27.09.2012 bis 31.12.2015, Finanzierung durch Scholarship Government Vietnam (Dr. habil. H. Bäumlein/Arbeitsgruppe Genregulation).
- Valeska Hauptmann, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.07.2015 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. U. Conrad/Arbeitsgruppe Phytoantikörper).
- Abteilung Physiologie und Zellbiologie/Department of Physiology and Cell Biology**
- Dr. Björn Junker, 01.01.2013 bis 31.12.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. v. Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Tiina Liiving, 01.07.2013 bis 30.06.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. v. Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. Hart Poskar, 01.07.2013 bis 30.06.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. v. Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Fengying Duan, China Agricultural University, Beijing, China, 08.01.2014 bis 31.01.2014, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. Andreas Backhaus, Fraunhofer Institut für Fabrikbetrieb u. Automatisierung (IFF), Magdeburg, Deutschland, 15.02.2014 bis 31.12.2014; 14.01.2015 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Juan José Pierella Karlusich, Institute for Molecular and Cell Biology of Rosario, Rosario, Argentinien, 07.05.2014 bis 15.08.2014 und 24.12.2014 bis 24.03.2015, Finanzierung durch DAAD (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Alberto Manasse Laginha, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.07.2014 bis 31.03.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. v. Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. Alexandra Leskova, Comenius University Bratislava, Bratislava, Ungarn, 01.09.2014 bis 30.09.2014, Finanzierung durch National Scholarship Programme of Slovak Republic/ Eigenfinanzierung (Prof. Dr. v. Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. John Danku, University of Aberdeen, school of Biological Science, Aberdeen, UK, 06. 10.2014 bis 17.10.2014, Finanzierung durch University of Aberdeen (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Zhongtao Jia, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 05.12.2014 bis 30.11.2017, Finanzierung durch Chinese Scholarship Council (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. Brahmavivasenkar Lingam, 01.01.2015 bis 31.08.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Faranak Farmand, Agricultural Biotechnical Research Institute of Iran (ABRII), Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran, 28.04.2015 bis 31.07.2015, Eigenfinanzierung/IPK (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. Esmira Gasan Alirzayeva, Institute of Botany at the Azerbaijan National Academy of Science, Baku, Azerbaijan, 23.06.2015 bis 03.07.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Aynura Jafarova, Institute of Botany at the Azerbaijan National Academy of Science, Baku, Azerbaijan, 23.06.2015 bis 03.07.2015, Finanzierung über DAAD (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Dr. Mohamed Abdelaziz, King Abdulla University, Kaust, Ägypten, 26.09.2015 bis 03.10.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. N. von Wiren/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung).
- Rongfan Wang, Northwest Agriculture and Forestry University, Faculty of Forestry, Yangling, China, 02.10.2012 bis 30.09.2016, Finanzierung durch China Scholarship Council - CSC (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Antonius Petridis, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Griechenland, 01.07.2013 bis 30.06.2014, Finanzierung durch DAAD-Scholarship; 01.04.2015 bis 31.03.2016, Eigenfinanzierung (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Adriana Garibay Hernandez, Instituto de Biotecnologia/UNAM, Cuernavaca/Morelos, Mexico, 11.02.2014 bis 10.03.2014, Finanzierung durch DAAD und Eigenfinanzierung (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Anne Oertel, Firma TRANS-MIT, Gießen, Deutschland, 15.04.2014 bis 28.02.2015, Finanzierung durch Industrieprojekt (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Wai Li Lim, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 22.09.2014 bis 29.10.2014; 02.04.2015 bis 30.05.2015, Finanzierung durch DAAD-Scholarship (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Giovanni Vinci, University of Naples Federico II, Agricultural Science, Napoli, Italien, 13.04.2015 bis 12.09.2015, Finanzierung durch University of Naples (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Dr. Manuela Peukert, 01.07.2015 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).

- gruppe Angewandte Biochemie).
- Jawaher Khiari, Center of Biotechnology of Borj Cédria (CBBC), Hammamet, Tunesien, 06.08.2015 bis 04.09.2015, Finanzierung durch BMBF (Dr. H.-P. Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie).
- Dr. Diaa El-Din Daghma, Universität Wageningen, Wageningen, Niederlande, 18.08.2014 bis 29.08.2014, Eigenfinanzierung (Dr. Michael Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).
- Prof. Dr. Isabella R. Prokhorenko, Institute of Fundamental Biology, Russian Academy of Sciences, Pushino, Moscow Region, Russland, 31.07.2014 bis 24.08.2014, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).
- Marek Marzec, University of Silesia, Faculty of Biology and Environment Protection, Katowice, Polen, 28.02.2014 bis 14.03.2014; 10.07.2014 bis 18.07.2014; 05.08.2014 bis 31.08.2014; 03.03.2015 bis 03.04.2015; 20.06.2015 bis 28.08.2015; 31.10.2015 bis 10.11.2015, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).
- Dr. Urte Schlüter, Universität Düsseldorf, Düsseldorf, Deutschland, 20.04.2015 bis 24.04.2015, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).
- Aleksandra Muszyńska, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/Saale, Deutschland, 01.08.2015 bis 31.03.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).
- Pooja Pandey, Integral University of Lucknow, Lucknow, Indien, 24.09.2011 bis 31.03.2015, Finanzierung durch Scholarship DAAD und Siemens; 26.09.2015 bis 30.09.2015, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie/Dr. M. Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie).
- Dr. Maia Gurushidze, 01.12.2014 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).
- Miriam Szurman-Zubrzycka, University of Silesia, Department of Genetics, Katowice, Polen, 05.01.2015 bis 15.04.2015, Erasmus-Scholarship (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).
- Dr. Armand Anoman, University of Valence, Valence, Spain, 25.05.2015 bis 05.06.2015, Eigenfinanzierung (Dr. J. Kumlehn/Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie).
- Marion Rauter, Orgentis Chemicals GmbH Gatersleben, Gatersleben, Deutschland, 01.03.2012 bis 30.04.2018, Finanzierung durch Kooperationsprojekt zwischen Orgentis Chemicals GmbH und IPK (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Torsten Gerlach, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland, 01.09.2012 bis 31.03.2015, Eigenfinanzierung (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Nguyen Sy Nguyen, Universität Greifswald, Greifswald, Deutschland, 01.12.2012 bis 31.12.2014, Finanzierung durch MOET-Scholarship (Prof. Dr. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Dr. Jan Riechen, Firma Jäckering Mühlen- und Nährmittelwerke GmbH, Hamm, Deutschland, 01.08.2013 bis 31.12.2016, Finanzierung durch Kooperationsprojekt zwischen Firma Jäckering Mühlen- und Nährmittelwerke GmbH und IPK (Prof. Dr. G. Kunze /Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Tobias Schwalenberg, Hochschule Anhalt, Köthen, Deutschland, 17.02.2015 bis 19.02.2015; 23.07.2015 bis 26.07.2015; 21.09.2015 bis 02.10.2015; 05.11.2015 bis 13.11.2015, Eigenfinanzierung (Prof. G. Kunze /Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Dr. Kristina Florschütz, 18.05.2015 bis 31.12.2015, Eigenfinanzierung (Prof. G. Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik).
- Wolfgang Zierer, Universität Erlangen-Nürnberg, Erlangen, Deutschland, 26.05.2014 bis 06.06.2014, Eigenfinanzierung (Dr. P. Bienert/Arbeitsgruppe Metalloid-Transport).
- Isidro Abreu Sánchez, Universidad Autonoma de Madrid, Madrid, Spanien, 19.04.2015 bis 30.05.2015, COST-Scholarship (Dr. P. Bienert/Arbeitsgruppe Metalloid-Transport).
- Cintia Jozefkovicz, Universidad Buenos Aires, Buenos Aires, Argentinien, 06.05.2015 bis 03.07.2015, Scholarship Company of Biologists, Cambridge/UK (Dr. P. Bienert/Arbeitsgruppe Metalloid-Transport).
- Dr. Monika Wimmer, Rheinische Friedrichs-Wilhelms-Universität, Bonn, Deutschland, 14.05.2015 bis 21.05.2015, Eigenfinanzierung (Dr. P. Bienert/Arbeitsgruppe Metalloid-Transport).
- Unabhängige Arbeitsgruppen/Independent Research Groups**
- Tina Seidensticker, 01.12.2013 bis 31.05.2015, Eigenfinanzierung (Dr. T. Schnurbusch/Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne).
- Zifeng Guo, Chinese Academy of Sciences, Center for Agricultural Resources Research, Institute of Genetics and Developmental Biology, Beijing, China, 01.10.2012 bis 31.07.2015, Finanzierung durch China Scholarship Council - CSC (Dr. T. Schnurbusch/Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne).
- Matthew Haas, University of Minnesota, Minneapolis, Vereinigte Staaten, 09.03.2015 bis 01.06.2016, Eigenfinanzierung (Dr. M. Mascher/Arbeitsgruppe Domestikationsgenetik).
- Dr. Sara Giulia Milner, University of Bologna, Bologna, Italien, 02.02.2015 bis 31.07.2015, Eigenfinanzierung/IPK; 01.09.2015 bis 31.12.2016, Finanzierung durch DAAD (Dr. M. Mascher/Arbeitsgruppe Domestikationsgenetik).
- Dr. Nese Sreenivasulu, 01.04.2013 bis 31.03.2015, Eigenfinanzierung (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).
- Dr. Harshavardhan Vokkalla Thammegowda, 01.02.2014 bis 31.05.2014, Eigenfinanzierung (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).
- Rajesh Kalladan, Institute of Plant and Microbiology, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, 01.07.2014 bis 01.11.2014, Eigenfinanzierung (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).
- Dr. Marie-Edith Chaboute, Institute de Biologie Moléculaire et Cellulaire (CNRS), Strasbourg, Frankreich, 24.11.2014 bis 05.12.2014, Eigenfinanzierung (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).
- Dr. Vito Butardo, Grain Quality and Research Nutrition Center, International Rice Research Institute (IRRI), Laguna, Philippinen, 14.08.2015 bis 15.12.2015, Finanzierung durch IRRI scholarship Philippines (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).
- Sayed Hamid Reza Hashemi-pedroudi, Sari University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Genetics and Agricultural Biotechnology Institute of Tabarestan, Sari, Iran, 10.09.2015 bis 11.04.2016, Eigenfinanzierung/IPK (Dr. M. Kuhlmann/Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik).

Arbeitsaufenthalte von Wissenschaft- lern in anderen Einrichtungen/ Work Stays of IPK Researchers at other Institutes

Abteilung Genbank/De- partment of Genebank

Prof. Dr. Andreas Graner/Arbeitsgruppe Genomdiversität, The International Crops Research Institute for the Semi-Arid-Tropics (ICRISAT), Hyderabad, Indien, 17.02.2014 bis 23.02.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Nils Stein/Arbeitsgruppe Genomdiversität, National Institute of Agrobiological Sciences Tsukuba, Tsukuba, Japan, 06.05.2014 bis 15.05.2014, Ko-Finanzierung durch IPK und NIAS.

Neele Wendler/Arbeitsgruppe Genomdiversität, Julius-Kühn-Institut (JKI), Groß Lüsewitz, Deutschland, 16.04.2014 bis 24.04.2014, Finanzierung durch BMBF.

Dr. Rounan Zhou/Arbeitsgruppe Genomdiversität, Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Centre National de Ressources Génomiques Végétales, Toulouse, Frankreich, 29.06.2014 bis 06.07.2014, Finanzierung durch Industrie-projekt.

Dr. Axel Himmelbach/Arbeitsgruppe Genomdiversität, Universität Tübingen, Tübingen, Deutschland, 27.07.2014 bis 03.08.2014, Finanzierung durch IPK.

Matthias Jost/Arbeitsgruppe Genomik Genetischer Ressourcen, Institute of Plant Science and Resources (IPSR), Okayama University, Kurashiki, Japan, 18.08.2015 bis 31.08.2015, Finanzierung durch Oohara Foundation Scholarship.

Dr. Manuela Nagel/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Universität Innsbruck, Institut für Botanik, Innsbruck, Österreich, 11.11.2014 bis

29.11.2014; 07.02.2015 bis 15.02.2015 und 18.10.2015 bis 23.10.2015, Finanzierung durch EU-Projekt.

Dr. Manuela Nagel/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Millenium Seedbank Kew, UK, 03.05.2015 bis 08.05.2015, Finanzierung durch EU-Projekt.

Dr. Manuela Nagel/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Atomic Energy and Alternative Ernergies Commission (CEA), Paris; Frankreich, 29.03.2015 bis 02.04.2015, Finanzierung durch EU-Projekt.

Dr. Ulrike Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Veterinärmedizinische Universität Wien und Genbank Linz, Wien/Linz, Österreich, 25.01.2014 bis 30.01.2014, Finanzierung durch Vetmed Universität Wien und IPK.

Dr. Ulrike Lohwasser/Arbeitsgruppe Ressourcengenetik und Reproduktion, Ethiopian Biodiversity Institute (EBI), Addis Abeba, Äthiopien, 12.02.2014 bis 22.02.2014; 12.10.2014 bis 18.10.2014, 22.02.2015 bis 28.02.2015 und 18.10.2015 bis 24.10.2015, Finanzierung durch GIZ/BMELV.

Evelin Willner/Arbeitsgruppe Teilsammlungen Nord in Malchow, Sammelreise, Hessen/Nordfriesland, Deutschland und Niederlande, 29.06.2015 bis 03.07.2015, Finanzierung durch BMELV.

Anna Maria Roschanski/Arbeitsgruppe Teilsammlungen Nord in Malchow, Sammelreise, Hessen/Nordfriesland, Deutschland und Niederlande, 29.06.2015 bis 03.07.2015, Finanzierung durch BMELV.

Dr. Frank Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie, Bioversity International, Rom, Italien, 19.09.2014 bis 25.09.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Frank Blattner/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie, Sammelreise, Kapstadt, Südafrika, 24.09.2015 bis

08.10.2015, Finanzierung durch IPK.

Zahra Nemat/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie, Islamic Azad University, Department of Plant Breeding, Tehran, Iran, 03.10.2014 bis 29.10.2014, Finanzierung durch DFG.

Dr. Dörte Harpke/Arbeitsgruppe Experimentelle Taxonomie, Sammelreise, Serbien, Mazedonien, Griechenland, 06.06.2015 bis 14.06.2015, Finanzierung durch IPK.

Abteilung Züchtungs- forschung/Department of Breeding Research

Michael Sandmann/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik, Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire (CNRS), Strasbourg, Frankreich, 17.10.2014 bis 25.10.2014, Finanzierung durch DAAD.

Dr. Inna Lermontova/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik, Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire (CNRS), Strasbourg, Frankreich, 17.10.2014 bis 25.10.2014, Finanzierung durch DAAD und DFG.

Prof. Ingo Schubert/Arbeitsgruppe Quantitative Genetik, University of Khon Kaen, Khon Kaen, Thailand, 01.11.2014 bis 16.11.2014, Finanzierung durch University of Khon Kaen.

Dr. Andreas Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, University of Georgia, University of Davis, Georgia/Davis, USA, 28.10.2014 bis 06.11.2014, Finanzierung durch Bill & Melinda Gates Foundation.

Dr. Andreas Houben/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Universidad Federal de Pernambuco, Recife, Brasilien, 17.11.2014 bis 13.12.2014 und 18.05.2015 bis 30.05.2015, Finanzierung durch Brasilien (CAPES).

Steven Dreißig/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Olomou, Tschechische Republik,

15.06.2014 bis 20.06.2014, Finanzierung durch IPK.

Steven Dreißig/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, KWS-UK, Thriplow, UK, 20.07.2014 bis 01.10.2014, Finanzierung durch KWS-UK und IPK.

Dr. Jörg Fuchs/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Institut de Biologie Moléculaire des Plantes, Strasbourg, Frankreich, 19.06.2014 bis 21.06.2014, Finanzierung durch DAAD.

Lala Aliyeva-Schnorr/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Institute of Experimental Botany, Centre of Plant Structural and Functional Genomics, Olomou, Tschechische Republik, 05.07.2012 bis 24.07.2014, Finanzierung durch DFG-Projekt.

Dr. Takayoshi Ishii/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, University of Georgia, University of Davis, Georgia/Davis, USA, 28.10.2014 bis 06.11.2014, Finanzierung durch Bill & Melinda Gates Foundation.

Mateusz Zelkowski/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Universität Wageningen, Niederlande, 03.02.2015 bis 07.02.2015, Finanzierung durch Marie-Curie-Scholarship.

Celia Municio Diaz/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Universität Regensburg, Deutschland, 13.04.2015 bis 30.04.2015, Finanzierung durch Marie-Curie-Scholarship.

Maja Jankowska/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Universität Brno, Tschechische Republik, 06.02.2015 bis 22.02.2015, Finanzierung durch DFG-Projekt.

Susann Hesse/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion, Universität Regensburg, Fachbereich Zellbiologie/Pflanzenphysiologie, Regensburg, Deutschland, 15.06.2015 bis 19.06.2015, Finanzierung durch IPK.

Wei Ma/Arbeitsgruppe Chromosomenstruktur und -funktion. Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences (CAS), Beijing, China, 16.03.2015 bis 29.03.2015, Finanzierung durch IPK.

Dr. Timothy F. Sharbel/Arbeitsgruppe Apomixis, Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, Bahia Blanca, Argentinien, 17.11.2014 bis 28.11.2014, Finanzierung durch DFG.

Marco Pellino/Arbeitsgruppe Apomixis, Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, Bahia Blanca, Argentinien, 17.11.2014 bis 28.11.2014, Finanzierung durch DFG.

Dr. Martin Mau/Arbeitsgruppe Apomixis, Sammelreise, Schweiz, 01.09.2015 bis 01.10.2015, Finanzierung durch IPK.

Abteilung Molekulare Genetik/Department of Molecular Genetics

Dr. Lioudmilla Borisjuk/Arbeitsgruppe Heterosis, Penn State University, Pennsylvania, USA, 22.12.2013 bis 11.01.2014, 01.06.2014 bis 17.06.2014, 22.01.2015 bis 08.02.2015, Finanzierung durch Industrieprojekt.

Dr. Lioudmilla Borisjuk/Arbeitsgruppe Heterosis, Universität Würzburg, Würzburg, Deutschland, 21.01.2014 bis 26.01.2014, Finanzierung durch DFG.

Dr. Lioudmilla Borisjuk/Arbeitsgruppe Heterosis, Universität Heidelberg, Heidelberg, Deutschland, 06.05.2014 bis 14.05.2014, Finanzierung durch Industrieprojekt.

Dr. Lioudmilla Borisjuk/Arbeitsgruppe Heterosis, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 20.10.2014 bis 29.11.2014, Finanzierung durch Industrieprojekt.

Dr. Hardy Rolletschek/Arbeitsgruppe Heterosis, Penn State University, Pennsylvania, USA, 10.06.2014 bis 17.06.2014, Finanzierung durch Industrieprojekt und 22.12.2013 bis 11.01.2014, Fi-

nanzierung durch DPPN-Projekt.

Dr. Hardy Rolletschek/Arbeitsgruppe Heterosis, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 20.10.2014 bis 01.11.2014, Finanzierung durch Industrieprojekt.

Eberhard Munz/Arbeitsgruppe Heterosis, Penn State University, Pennsylvania, USA, 17.11.2014 bis 14.12.2014, Finanzierung durch DFG und 27.10.2015 bis 06.12.2015, Finanzierung durch IPK.

Christina König/Arbeitsgruppe Heterosis, Melbourne University, Melbourne, Australien, 09.11.2015 bis 09.12.2015, Finanzierung durch Industrieprojekt.

Dr. David Riewe/Arbeitsgruppe Heterosis, Agresearch Palmerston North, Palmerston, Neuseeland, 13.01.2014 bis 05.02.2014 und 12.01.2015 bis 27.01.2015, Finanzierung durch DPPN-Projekt

Dr. Hans Weber/Arbeitsgruppe Samenentwicklung, EU-Kommission, Brüssel, Belgien, 22.06.2014 bis 27.06.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Winfriede Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung, Chinese Academy of Sciences, Institute of Genetics, Peking, China, 18.10.2014 bis 24.10.2014, Finanzierung durch Chinese Academy of Sciences.

Dr. Christian Klukas/Arbeitsgruppe Bildanalyse, Zhejiang University, Hangzhou, China, 14.03.2014 bis 29.03.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Hans Weber/Arbeitsgruppe Samenentwicklung, EU-Kommission, Brüssel, Belgien, 22.06.2014 bis 27.06.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Winfriede Weschke/Arbeitsgruppe Samenentwicklung, Chinese Academy of Sciences, Institute of Genetics, Peking, China, 18.10.2014 bis 24.10.2014, Finanzierung durch Chinese Academy of Sciences.

Abteilung Physiologie und Zellbiologie/Department of Physiology and Cell Biology

Prof. Dr. Nicolaus von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), Institut de Biologie de l'Ecole Normale Supérieure, Paris, Frankreich, 28.01.2014 bis 02.02.2014, Finanzierung durch IPK.

Prof. Dr. Nicolaus von Wirén/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung, Chinese Academy of Sciences, Institute of Genetics, Peking, China, 18.10.2014 bis 24.10.2014, Finanzierung durch Chinese Academy of Sciences.

Dr. Mohammad-Reza Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung, Institute of Molecular and Cell Biology, Department of Physiology and Cell Biology, Rosario, Argentinien, 12.05.2014 bis 22.05.2014 und 22.10.2015 bis 07.11.2015, Finanzierung durch IPK.

Dr. Mohammad-Reza Hajirezaei/Arbeitsgruppe Molekulare Pflanzenernährung, Sunday River Resort, Newry, Portland, USA, 01.08.2014 bis 09.08.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Hans-Peter Mock/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie, Chinese Academy of Sciences, Institute of Genetics, Peking, China, 18.10.2014 bis 24.10.2014, Finanzierung durch Chinese Academy of Sciences.

Dr. Andrea Matros/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 06.11.2014 bis 08.12.2014 und 05.11.2015 bis 05.12.2015, Finanzierung durch BMBF.

Dr. Manuela Peukert/Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie, University of Adelaide, Adelaide, Australien, 22.10.2014 bis 22.11.2014, Finanzierung durch Projekt 806018.

Dr. Michael Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, Royal Institute of Technology (KTH), AlbaNova

University Center, Stockholm, Schweden, 09.07.2014 bis 15.07.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Michael Melzer/Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, Institute of Molecular and Cell Biology, Department of Physiology and Cell Biology, Rosario, Argentinien, 22.10.2015 bis 07.11.2015, Finanzierung durch IPK.

Prof. Dr. Gotthard Kunze/Arbeitsgruppe Hefegenetik, University of Milano, Mailand, Italien, 29.06.2014 bis 04.07.2014, Finanzierung durch EU.

Andrea Malak/Arbeitsgruppe Hefegenetik, University of Milano, Mailand, Italien, 29.06.2014 bis 04.07.2014, Finanzierung durch EU.

Andrea Malak/Arbeitsgruppe Hefegenetik, Evolva SA, Reinach, Schweiz, 04.05.2015 bis 22.10.2015, Finanzierung durch Marie-Curie-Scholarship.

Dr. Patrick Bienert/Arbeitsgruppe Metalloid-Transport, Université Catholique de Louvain, Institute of Life Science, Louvain la Neuve, Belgien, 16.11.2014 bis 24.11.2014, Finanzierung durch IPK und DFG.

Arvid Diehn/Arbeitsgruppe Metalloid-Transport, Université Catholique de Louvain, Institute of Life Science, Louvain la Neuve, Belgien, 16.11.2014 bis 13.12.2014, Finanzierung durch IPK und DFG und 01.11.2015 bis 12.12.2015, Finanzierung durch DFG und IPK.

Unabhängige Arbeitsgruppen/Independent Research Groups

Dr. Thorsten Schnurbusch/Arbeitsgruppe Pflanzliche Baupläne, University of Lleida, Department of Crop and Forestry Sciences, Lleida, Spanien, 02.02.2014 bis 09.02.2014, Finanzierung durch IPK.

Dr. Martin Mascher/Arbeitsgruppe Bioinformatik und Informationstechnologie, Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel; 04.06.2014 bis 11.06.2014, Finanzierung durch IP

Lehrtätigkeit/Teaching

Name der/des Lehrenden	Veranstaltungstitel	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS WS 2013/14	SWS SS 2014	SWS WS 2014/15	SWS SS 2015	SWS WS 2015/16	SWS Summe
Prof. Dr. A. Graner (GB) Priv.-Doz. Dr. A. Börner (GB) Dr. B. Kilian (GB) Dr. K. Neumann (GB)	Mastermodul: Pflanzen- genetische Ressourcen und Genomforschung (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaft- liche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissen- schaften		4		4		8
Priv.-Doz. Dr. A. Börner (GB) Dr. J. Keller (GB) Dr. A. Senula (GB) Dr. M. Nagel (GB)	Erhaltungsstrategien und Management pflanzen- genetischer Ressourcen (Vorlesung und Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (Bachelorstudenten)	Naturwissenschaft- liche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissen- schaften	1		1		1	3
Dr. M. Nagel (GB)	Management und Evaluierung pflanzengenetischer Ressourcen (Studentenpraktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaft- liche Fakultät III Institut für Agrar- und Ernährungswissen- schaften		0,1		0,1		0,2
Dr. M. Nagel (GB)	Plant Genetic Resources (Vorlesung)	Georg-August-Uni- versität Göttingen	Agrarwissenschaft- liche Fakultät, Abteilung Pflanzen- züchtung		0,3		0,3		0,6
Dr. M. Nagel (GB)	Long-term storage of Plant Genetic Resources (Vorlesung)	Universität Hohenheim	Fakultät Agrarwissen- schaften Institut für Pflanzen- züchtung, Saatgut- forschung und Populationsgenetik		0,3		0,3		0,6
Dr. M. Nagel (GB)	Masterstudiengang Crop Sciences. Mastermodul: Seed Research (Vorlesung)	Universität Hohenheim	Fakultät Agrarwissen- schaften Institut für Pflanzen- züchtung, Saatgut- forschung und Populationsgenetik	0,2		0,2	0,2		0,6
Dr. M. Nagel (GB)	Trocknungstoleranz von Samen und Keimung (Vorlesung)	Universität Hohenheim	Fakultät Agrarwissen- schaften Institut für Pflanzen- züchtung, Saatgut- forschung und Populationsgenetik	0,2		0,2		0,2	0,6
Dr. T. Schnurbusch (UA)	Quantitative Genetik und Populationsgenetik in der Pflanzenzüchtung (Übungen)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaft- liche Fakultät III, Institut für Agrar- und Ernährungswissen- schaften		2				2
Prof. Dr. J.C. Reif (BR)	Selektion in der Pflanzenzüchtung (Vorlesung und Übungen)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaft- liche Fakultät III, Institut für Agrar- und Ernährungswissen- schaften	4		4		4	12
Prof. Dr. I. Schubert (BR)	Classical & Molecular Cytogenetics (Seminar und praktischer Kurs)	Universität Khon Kaen, Thailand	Fachbereich Natural Sciences			6			6
Dr. V. Schubert (BR)	Mikroskopie (Praktikum) (Bachelor-Studiengang)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaft- liche Fakultät III	0,5		0,5			1
Dr. J. Fuchs (BR) Dr. A. Houben (BR)	Flow Cytometry (Vorlesung und Praktikum)	Universidade Federal de Pernambuco Recife, Brasil	Departamento de Botanic			2			2
Dr. A. Houben (BR)	Biotechnologie in der Pflanzenproduktion (Vorlesung)	Hochschule Anhalt Bernburg	FB Landwirtschaft			0,8		0,8	1,6

Name der/des Lehrenden	Veranstaltungstitel	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS WS 2013/14	SWS SS 2014	SWS WS 2014/15	SWS SS 2015	SWS WS 2015/16	SWS Summe
Dr. A. Houben (BR) Dr. V. Schubert (BR) Dr. J. Fuchs (BR) Dr. J. Kümlehn (PZB)	Zytogenetik und Gentechnologie der Nutzpflanzen (Vorlesung und Praktikum) (Masterstudiengang)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III, Agrarwissenschaften, Geowissenschaften und Informatik	2		2		2	6
Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt (BR)	Studien zur Chromosomenstruktur und -funktion und ihre Anwendungen in der Pflanzenbiotechnologie (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät, Institut für Biochemie und Biologie	2		2		2	6
Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt (BR)	Pflanzengenomprojekte – Strategien und Ergebnisse (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät, Institut für Biochemie und Biologie		2				2
Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt (BR)	Genomanalyse in Pflanzen (Seminar)	Universität Potsdam	Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät, Institut für Biochemie und Biologie				2		2
Dr. U. Scholz (BR) Dr. S. Weise (BR) Dr. L. Altschmied (MOG) Dr. A. Junker (MOG) Dr. C. Klukas (MOG)	Einführung in die Bioinformatik (Vorlesung und Übung)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik		3		3		6
Dr. U. Scholz (BR) Dr. M. Mascher (UA) Dr. N. Stein (GB)	Literaturseminar	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III Institut für Informatik				1		1
Dr. M. Lange (BR) Dr. S. Weise (BR)	Datenbankmanagementsysteme Wirtschaftsinformatik (Vorlesung und Übung)	Hochschule Harz Wernigerode	FB Automatisierung und Informatik	6					6
Prof. Dr. T. Altmann (MOG) Dr. L. Borisjuk (MOG) Dr. H. Bäumlein (MOG) Dr. R.C. Meyer (MOG) Dr. W. Weschke (MOG) Dr. H. Weber (MOG) Prof. Dr. U. Conrad (MOG) Dr. M. Kuhlmann (MOG) Dr. R. Radchuk (MOG) Dr. C. Klukas (MOG) Dr. L. Altschmied (MOG) Dr. A. Junker (MOG) B. Baudisch (MOG)	Projektmodul Molekulare Genetik (Vorlesung, Seminar, Praktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I Institut für Biologie	15		15		15	45
Dr. L. Altschmied (MOG)	Pflanzenphysiologie – Lehramt (Praktikum)	Friedrich-Schiller-Universität Jena	Institut für Pflanzenphysiologie	4					4
Dr. L. Altschmied (MOG) Dr. A. Junker (MOG) Dr. C. Klukas (MOG) Dr. S. Weise (BR)	Einführung in die Bioinformatik, 2. Fachsemester (Studiengang Biotechnologie)	Hochschule Anhalt Köthen	Fachbereich Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik			2		2	4
Dr. H. Rolletschek (MOG)	Biologie der Samenentwicklung	Leibniz Universität Hannover	Naturwissenschaftliche Fakultät, Institut für Pflanzen-genetik		5		5		10
Dr. L. Borisjuk (MOG)	Functional imaging and modelling of plant seeds	Leibniz Universität Hannover	Naturwissenschaftliche Fakultät, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme	5		5		5	15

Name der/des Lehrenden	Veranstaltungstitel	Universität/ Hochschule	Fakultät/ Fachbereich (FB)	SWS WS 2013/14	SWS SS 2014	SWS WS 2014/15	SWS SS 2015	SWS WS 2015/16	SWS Summe
Dr. L. Borisjuk (MOG)	Einführung in die Bioinformatik, 2. Fachsemester (Studiengang Biotechnologie)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik			10		10	20
Dr. H. Bäumlein (MOG)	Biotechnologie der Pflanzen- und Tierproduktion (Vorlesung)	Hochschule Anhalt Bernburg	FB Landwirtschaft	0,5	0,5		0,5		1,5
Dr. H. Bäumlein (MOG)	Plant Physiology (Vorlesung)	Hochschule Anhalt Bernburg	FB Landwirtschaft			2			2
Prof. Dr. U. Conrad (MOG) Dr. N. Weichert (MOG) Dr. H. Phan (MOG)	Pharmazie (Wahlpflichtpraktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie	10		5		5	20
Prof. Dr. U. Conrad (MOG) U. Gresch (MOG) I. Tillack (MOG)	Immunologisches Praktikum	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie	2,7		2,7		2,7	8,1
Prof. Dr. U. Conrad (MOG)	Genetik für Pharmazeuten (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie		1		1		2
Prof. Dr. U. Conrad (MOG)	Immunologie für Pharmazeuten (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie	0,5		0,5		0,5	1,5
Prof. Dr. U. Conrad (MOG)	Therapeutic Antibodies (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie	1		1		1	3
Prof. Dr. U. Conrad (MOG)	Immunology (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie	1		1		1	3
Prof. Dr. U. Conrad (MOG)	Molecular Pharming and Cellbiological basics (Vorlesungen)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I, Institut für Pharmazie	2		2		2	6
Prof. Dr. N. von Wirén (PZB) Dr. G.P. Bienert (PZB)	Molekulare Pflanzenphysiologie Membrantransport (Vorlesung)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät I FB Biologie	1	1	1	1	1	5
Prof. Dr. N. von Wirén (PZB) Dr. G.P. Bienert (PZB)	Pflanzenphysiologie (Laborpraktikum)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	FB Biologie		2		2		4
Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock (PZB)	Zellbiologischer Kurs	Christian-Albrechts-Universität zu Kiel	Institut für Botanik	1		1			2
Dr. J. Kumlehn (PZB)	Modul Zytogenetik und Gentechnik (Master-Studiengang)	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Naturwissenschaftliche Fakultät III, Agrar- und Ernährungswissenschaften	1,3		1,3		1,3	3,9
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Biosensoren (Vorlesung) (Bachelorstudenten)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik	4		4		4	12
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Molekulargenetik (Vorlesung) (Bachelorstudenten)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik		3		4		7
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Neue Trends in der Biotechnologie (Vorlesung) (Masterstudenten)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik	1		1		1	3
Prof. Dr. G. Kunze (PZB)	Hefegenetik (Laborpraktikum)	Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald	Mathematisch-naturwissenschaftliche Fakultät, FB Biologie Institut für Genetik und Biochemie	4		4		4	12
Dr. M. Giersberg (PZB)	Proteomics (Vorlesung) (Masterstudenten)	Hochschule Anhalt Köthen	FB Angewandte Biowissenschaften und Prozesstechnik	4		4		4	12
Semesterwochenstunden (SWS) insgesamt:				73,9	23,7	81,7	23,9	70,0	273,2

Mitarbeit an wissenschaftlichen Zeitschriften/ Editing Scientific Journals

Mitarbeiter des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung sind Herausgeber bzw. Mitherausgeber folgender Zeitschriften:

Agricultural Research Journal, Elsevier B.V. (J.C. Reif, Editorial Board).

Agriculture, Piestany, Slovak Republic (A. Börner, Editorial Board).

BBA Gene Regulatory Mechanisms, Elsevier, Maryland Heights, USA (A. Houben, Editorial Board).

BBA – Proteins and Proteomics, Elsevier, Maryland Heights, USA (H.-P. Mock, Editorial Board).

Biotechnology in Agriculture and Forestry, Springer (J. Kümlehn, Series Editor).

Biotechnology Research International, Hindawi, Publishing Corporation, New York, USA (U. Conrad, Subject Editor; J. Kümlehn, Editorial Board).

BMC Biotechnology, BioMed Central Ltd, London, UK (U. Conrad, Associate Editor).

BMC Plant Biology, BioMed Central Ltd, London, UK (N. Stein, Editorial Board).

Cereal Research Communications, Akadémiai Kiadó, Budapest, Hungary (A. Börner, Editorial Board).

Chromosoma, Springer, New York, USA (I. Schubert, Associate Editor).

Chromosome Research, Springer, Dordrecht, The Netherlands (A. Houben, Editorial Advisory Board).

Cytogenetics & Genome Research (CGR), Karger AG, Basel, Switzerland (I. Schubert, Editorial Board; A. Houben, Associate Editor).

Electronic Wheat Information Service, Shizuoka, Japan (A.

Houben, Editorial Advisory Board).

Field and Vegetable Crops Research, Novi Sad, Serbia (A. Börner, Editorial Board).

Frontiers in Crop Science and Horticulture, Lausanne, Switzerland (A. Börner, Editorial Board).

Frontiers in Plant Genetics and Genomics, Frontiers Lausanne, Switzerland (I. Schubert, Associate Editor).

Frontiers in Plant Microbe Interactions, Frontiers Lausanne, Switzerland (P. Schweizer, Associate Editor).

Frontiers in Plant Sciences, Frontiers Lausanne, Switzerland (I. Lermontova, Research Topic Editor; H. Rolletschek, Editorial Board; P. Schweizer, Associate Editor; G.P. Bienert, Invited Editor).

Frontiers in Process and Industrial Biotechnology, Lausanne, Switzerland (G. Kunze, Editorial Board).

Functional and Integrative Genomics, Springer, Berlin-Heidelberg (N. Stein, Editorial Board).

Genetic Resources and Crop Evolution (GRACE), Springer, Dordrecht, The Netherlands (K. Pistrick, Managing Editor; F.R. Blattner, Editorial Board).

Genetics, Genetics Society of America, Bethesda, Maryland, USA (A. Houben, Associate Editor).

Genetics and Breeding, Bulgarian Academy of Sciences for the Bulgarian Genetical Society, Sofia, Bulgaria (I. Schubert, Editorial Board).

GM Crops, Landes Bioscience, Austin, USA (J. Kümlehn, Editorial Board).

Hereditas, Lund, Sweden (A. Börner, Editorial Board).

ISRN Botany (International Scholarly Research Notices), Hindawi Publishing Corporation, Cairo, Egypt (G. Hensel, Editorial Board).

Japanese Journal of Breeding Science, The Japanese Society of Breeding, Tsukuba,

Japan (N. Stein, Editorial Board).

Journal of Horticultural Research, InHort, Skierniewice, Poland (E.R.J. Keller, Editorial Advisory Board).

Journal of Integrative Bioinformatics (JIB), IMBio, Bielefeld (U. Scholz und M. Lange, Editorial Board; S. Weise, Editorial Board Member).

Journal of Integrated OMICS (A. Matros, Associated Editor).

Journal of Proteome Research, American Chemical Society, USA (H.-P. Mock, Editorial Board).

Journal of Proteomics, European Proteomics Association (EuPA), Delft, Niederlande (M. Hajirezaei, Advisor).

Journal of Soil Science and Plant Nutrition, Berlin, Germany (N. von Wirén, Co-Editor).

Molecular Breeding, Springer, Dordrecht, The Netherlands (A. Graner und J. Kümlehn, Editorial Board).

Molecular Plant, Elsevier Inc. (N. Stein, Editorial Board).

New Phytologist, UK (N. von Wirén, Scientific Advisor).

Peer J, Max Planck Society, USA/UK (M. Röder, Academic Editor).

Physiologia Plantarum, Verlag Societas Physiologiae Plantarum Scandinavica, Blackwell Publishing (M. Hajirezaei, Advisor).

Plant Biology, Wiley-Blackwell (H.-P. Mock, Editorial Board).

Plant Biotechnology Journal, Blackwell Publishing, Bristol, UK (U. Conrad und J. Kümlehn, Editorial Board member).

Plant Cell Reports, Springer, Berlin-Heidelberg (R. Schmidt, Editorial Board).

Plant Genetic Resources – Characterization and Utilization, Cambridge, UK (A. Börner, Editorial Board).

Plant Molecular Biology Reporter, Springer, Berlin-Heidelberg

(R. Schmidt, Editorial Board).

Plant Physiology, USA (N. von Wirén, Managing Editor).

Plant Systematics and Evolution, Springer Vienna, Berlin-Heidelberg (F.R. Blattner und J. Fuchs, Associate Editor).

PLOS ONE, published by PLOS, a non-profit organization (A. Houben und G. Kunze, Editorial Board, Academic Editor).

Proteomics, Wiley-VCH, Weinheim (H.P. Mock, Editorial Board).

The New Phytologist, Lancaster, UK (N. von Wirén, Scientific Advisor; H. Rolletschek, Advisory Board).

The Nucleus, MD Publications Pvt Ltd., New Delhi, India (I. Schubert, Advisory Board).

The Open Mycology Journal, Bentham Science Publishers Ltd., USA (G. Kunze, Editorial Advisory Board).

The Plant Cell, American Society of Plant Biologist (ASPB), Rockville, USA (M. Hajirezaei, Advisor).

The Plant Genome, Crop Science Society of America, Madison, USA (N. Stein, Editorial Board).

The Scientific World Journal, Hindawi Publishing Corporation, Cairo, Egypt (G. Kunze, Editor).

Theoretical and Applied Genetics, Springer, Berlin-Heidelberg (A. Graner, J.C. Reif Editorial Board).

Transgenic Research, Springer, Berlin-Heidelberg (M. Hajirezaei, Advisor; U. Conrad, Associate Editor).

Turczaninowia, Ost Siberian Botanical Garden, Barnau, Russland (F.R. Blattner, Editorial Board).

Zeitschrift für Pflanzenernährung und Bodenkunde, Wiley-VCH, Weinheim (N. von Wirén, Co-Editor).

Tätigkeit in Gremien/Activities in Boards

Geschäftsführer-der Direktor

Prof. Dr. A. Graner

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina, Halle/S.;
- Leiter der Ag Genetische Ressourcen der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V. (GPZ), Quedlinburg;
- Vizepräsident der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V. (GPZ);
- Vorstandsrat der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V. (GPZ);
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Julius Kühn-Instituts (JKI), Quedlinburg;
- Mitglied des Beratungs- und Koordinierungsausschusses (BeKo) des Nationalen Fachprogramms zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Kulturpflanzen, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), Bonn;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates des *Otto Warburg Center for Agricultural Biotechnology*, Hebrew University, Jerusalem, Israel;
- Stellvertretender Vorsitzender der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e.V.;
- Vorsitzender des Fördervereins des Schülerlabors *Grünes Labor Gatersleben*;
- Mitglied des Kuratoriums der Sparkassenstiftung Salzlandkreis, Staßfurt;
- Vorstandsmitglied InnoPlanta e. V., Gatersleben;
- IPK-Repräsentant in der European Plant Science Organization (EPSO);
- Mitglied Executive Board, Generation Challenge Program, Consultative Group of International Agricultural Research, c/o CIMMYT, El Batán, Mexico;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen, BMEL, Berlin;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats *Nationaler Aktionsplan zur nachhaltigen Anwendung von Pflanzenschutzmitteln* (BMEL);

- Mitglied des Aufsichtsrats der BGI Biotechpark Gatersleben Infrastrukturgesellschaft mbH;
- Steering Committee, DivSeek Initiative, The Crop Trust, Bonn;
- Mitglied Wissenschaftlicher Beirat *Kiel Life Science* an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (CAU);
- Mitglied des Direktoriums, Interdisziplinäres Forschungszentrum für Nutzpflanzen (IZN), Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

Abteilung Genbank

Dr. N. Stein

- Co-Koordinator der *Europäischen Triticeae Genomics Initiative* (ETGI);
- Vorsitzender des *International Barley Genome Sequencing Consortium* (IBSC);
- Vorsitzender des Scientific Coordinating Committee (SCC) der Förderinitiative *Pflanzenbiotechnologie 2030* des BMBF;
- Mitglied des Koordinierungsausschusses des *International Wheat Genome Sequencing Consortium* (IWGSC);
- Nationaler Repräsentant des Wissenschaftlichen Beirats (Research Committee) der Internationalen Weizen Initiative (International Wheat Initiative).

Dr. H. Knüpfner

- Chairman der Barley Working Group des European Co-operative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR) (nur 2014);
- Mitglied der Documentation and Information Working Group des ECPGR;
- Mitglied der Arbeitsgruppe zum Europäischen Kooperationsprogramm pflanzengenetischer Ressourcen (ECPGR) des Beratungs- und Koordinierungsausschusses für pflanzengenetische Ressourcen (BeKo) von Bund und Ländern (unter Leitung des BMELV);
- Mitglied des International Barley Core Collection Committee (Bioversity International);
- Mitglied der Arbeitsgruppe Biodiversity Information Standards (TDWG – ehemals Taxonomic Databases Working Group).

Priv.-Doz. Dr. A. Börner

- Koordinator der European Cereals Genetics Co-operative (EWAC);
- German Country Representative of the European Association for Research on Plant Breeding and Chairman Cereals Section (EUCARPIA);
- Mitglied des Seed Storage Committee of the International Seed Testing Association (ISTA);
- German Representative of Working Group Wheat of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR);
- Vorsitzender der Arbeitsgemeinschaft Saatgut und Sortenwesen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (GPW) und der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ);
- Mitglied der Beratungsgruppe Entwicklungsorientierte Agrarforschung (BEAF) der Deutschen Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GIZ).

Dr. U. Lohwasser

- Stellvertretender Vorsitzender des Beratungsausschusses der Deutschen Genbank für Zierpflanzen;
- Vorstandsmitglied in der Gemeinschaft zur Förderung der Kulturpflanzenforschung Gatersleben e. V.;
- German Representative of Working Group Avena, Beta, Brassica, Cucurbits, Fibre Crops, Grain Legumes, Leafy Vegetables, Medicinal Plants, Solanaceae, Umbellifer Crops of the European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR).

Dr. M. Nagel

- Jury-Mitglied bei Plant Science Student Conference (PSSC) 2014.

Dr. J. Keller

- Vorsitzender der *Allium*-Working Group des European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR) 2014;
- Vorstandsmitglied der Gemeinschaft Deutscher Kryobanken (GDK).

Dr. K.J. Dehmer

- Mitglied in der ECPGR Working Group on Potato;
- Councillor der European Association for Potato Research (EAPR).

E. Willner

- Mitglied in der ECPGR Working Group on Forages.

Dr. F. Blattner

- Mitglied des DFG-Fachkollegiums 202 *Pflanzenwissenschaften*.

Dr. K. Pistrick

- Mitglied im Nomenclature Committee of the International Seed Testing Association (ISTA).

Dr. T. Schnurbusch

- Vorstandsmitglied der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e. V. (GPZ).

Abteilung Züchtungsforschung

Prof. Dr. J.C. Reif

- Mitglied proWeizen, Gesellschaft für Erwerb und Verwertung von Schutzrechten – GVS mbH, Bonn.

Prof. Dr. I. Schubert

- Mitglied der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina – Nationale Akademie der Wissenschaften, Halle/S.

Priv.-Doz. Dr. A. Houben

- International Coordinator of Translocations and Balanced Tertiary Trisomics in barley.

Priv.-Doz. Dr. R. Schmidt

- Gewähltes Mitglied des DFG-Fachkollegiums *Pflanzenwissenschaften*.

Dr. habil. P. Schweizer

- Mitglied der Zentralen Kommission für Biologische Sicherheit (ZKBS), Bereich Pflanzenzüchtung.

Dr.-Ing. M. Lange

- Mitglied im WGL-Arbeitskreis Forschungsdaten.

S. Weise

- Mitglied der Documentation and Information Working Group des ECPGR;
- Stellvertretender Sprecher der GI/GMDS-Fachgruppe Informationsmanagement in der Biotechnologie (bis 2014).

Abteilung Molekulare Genetik

Prof. Dr. Th. Altmann

- Mitglied des Multinational Arabidopsis Steering Committee;

- Mitglied im Direktorium des Deutschen Pflanzenphänotypisierungsnetzwerkes (DPPN);
- Mitglied im General Assembly des European Plant Phenotyping Network (EPPN);
- Mitglied im Management Committee der COST Action FA1306 *The quest for tolerant varieties: phenotyping at plant and cellular level*;
- IPK-Repräsentant im General Assembly des International Plant Phenotyping Network (IPPN);
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP).

Dr. A. Junker

- Stellvertretendes Mitglied im Management Committee und STSM-Koordinatorin der COST Action FA1306 *The quest for tolerant varieties: phenotyping at plant and cellular level*.

Abteilung Physiologie und Zellbiologie

Prof. Dr. N. von Wirén

- Gewähltes Mitglied des DFG-Fachkollegiums 207 *Agrar-, Forstwissenschaften, Gartenbau und Tiermedizin*;
- Mitglied des Begutachtungsgremiums der Minerva-Stiftung der Max-Planck-Gesellschaft;
- Mitglied der Begutungskommission der Faculty of Plant and Environmental Sciences, Universität Kopenhagen, Dänemark;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie, Halle/S.;
- Mitglied der Begutungskommission des INRA-Instituts Versailles-Grignon, Frankreich;
- Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats des französischen Raps-Konsortiums RAPSODYN, Toulouse, Frankreich;
- Mitglied des Direktoriums des *Leibniz WissenschaftsCampus Pflanzenbasierte Bioökonomie* an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle/S.

Prof. Dr. G. Kunze

- Mitglied im erweiterten Fachbereichsrat Angewandte Biowissenschaften und Pro-

zesstechnik der HS Anhalt/Köthen.

Dr. M. Giersberg

- Mitglied im DIN-Ausschuss: NA 119 DIN-Normenausschuss Wasserwesen (NAW), AK Hormonelle Wirkungen, Xenohormone (ISO/TC 147/SC 5/WG 9).

Öffentlichkeitsarbeit/ Public Relations

Informationsveranstaltungen und Führungen/ Visits and Guided Tours

2014

9. Januar 2014

Besuch von Studenten der Landwirtschaft der Hochschule Anhalt, Bernburg, 15 Personen, Vorstellung des Instituts, Besuch der Abteilung Molekulare Genetik, Besichtigung des Samenkühlagers und die Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. habil. H. Bäumlein, Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller).

4. Februar 2014

Besuch von Landwirten und Pfarrern der Evangelischen Synode, Braunschweig, 28 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und der Gewächshäuser (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow).

18. Februar 2014

Besuch von Ing. Gabriela Ruzickova, PhD, Mendel University Brno, Czech Republic, Begrüßung und Vorstellung der Aufgaben in der Genbank, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Senula).

18. und 20. Februar 2014

Besuch von Schülern des Hans-und-Hilde-Coppy-Gymnasiums Berlin-Karlshorst im Rahmen eines Wochenkurses im Grünen Labor, 13 Personen, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Einführung in die Elektronenmikroskopie, Besichtigung des automatischen Gewächshauses (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. M. Melzer, Dr. K. Weigelt-Fischer).

19. Februar 2014

Besuch von Dr. Yanxin Zhang, Department of Sesame and Special Oil Crops, Oil Crops Research Institute of the Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS) Wuhan, China, Begrüßung und Vor-

stellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühlager, Herbar- und Samensammlung, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung, Gewächshaus-, und Phytokammerbesichtigung sowie die Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, J. Marlow, Dr. M. Nagel, E. Geyer, M. Grube).

20. Februar 2014

Besuch von Lehrlingen der Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG (NPZ), 3 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank, Erläuterung der Arbeit einer Genbank (K. Ploen).

21. und 24. Februar 2014

Teilnehmer am Freiwilligen Ökologischen Jahr des Jugendwerkes Aufbau Ost gGmbH, Berlin, je 35 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Biodiversität in der Genbank, Einsatz von Gentechnik in der Pflanzenforschung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Kümlehn).

27. Februar 2014

Besuch von Greenhouse Managern des Max-Planck-Instituts für Chemische Ökologie, Jena, 2 Personen, Besichtigung der Gewächshäuser (P. Schreiber).

12. März 2014

Im Anschluss eines Vavilov-Seminars wurde für Dr. Erwann Arc, Institut für Botanik, Universität Innsbruck, Österreich, sowie Prof. Alison A. Powell und Prof. Stan Matthews, School of Biological Sciences, University of Aberdeen, Aberdeen, UK, eine Genbankführung, Gewächshaus-, und Phytokammerbesichtigung sowie die Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage durchgeführt (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, J. Marlow, Dr. M. Nagel, E. Geyer).

20. März 2014

Besuch von Schülern der Taketu High Super Highschool, Fukui, Japan, im Rahmen Internationaler und EU Bildungsangelegenheiten des KM LSA, und des Gymnasiums Blankenburg, 30 Perso-

- nen, Vorstellung des Instituts und Genbankführung, Vorführung der automatischen Gewächshäuser, ein mikroskopischer Streifzug durch die Pflanzenwelt (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Junker, Dr. M. Melzer, Dr. T. Rutten).
24. März 2014
Besuch von Studenten eines Praktikums, 6 Personen, Begrüßung und Einführung zum Institut und der Aufgaben der Genbank anschließend Genbankführung, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Führung durch die Gewächshäuser und *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, J. Marlow, P. Schreiber).
27. März 2014
Besuch von Herrn Kees de Vries, Mitglied des Deutschen Bundestages, 3 Personen, Einführung in Geschichte, Struktur und Aufgaben des Instituts, Informationen der Politik zum Thema *Grüne Gentechnik*, Vortrag: Genetische Veränderungen bei Pflanzen (Prof. Dr. A. Graner, Dr. J. Kümlehn).
8. April 2014
Besuch von Teilnehmern des Arbeitstreffens Grünland-Ost, 7 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Versuchsarbeiten speziell mit Gräsern (K. Ploen, E. Willner).
28. April 2014
Besuch von Mitarbeitern und Dr. Ebmeyer, Zuchtleiter Weizen, KWS LOCHOW GMBH, Bergen, 11 Personen, Begrüßung und Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Rundgang der Genbankgewächshäuser (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow).
30. April 2014
Besuch einer Kindergarten-gruppe, Cochstedt, 15 Personen, Führung durch den Staudengarten, Gewächshausbesichtigung in der Genetik, Aussaat, Pikieren und Topfen von Pflanzen für den Kita-Garten (K. Gramel-Eikenroth, C. Voigt).
6. Mai 2014
Besuch von Mitgliedern des Arbeitskreises Wissenschaft und Wirtschaft der SPD-Landtagsfraktion Sachsen-Anhalt, 7 Personen, Vorstellung des Instituts, Informationen zum Zweck des Besuchs, Diskussion, Genbankführung (Prof. Dr. T. Altmann, Dr. K. Pähle, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
8. Mai 2014
Besuch einer Seniorengruppe (ehemalige Landwirte), 24 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung des Samenkühllagers, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Vorführung der automatischen Gewächshäuser, Feldführung (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. A. Junker, P. Schreiber).
8. Mai 2014
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Kartoffelanbauer aus dem Landkreis Rostock, 2 Personen (K. Göhrke, U. Behrendt).
9. Mai 2014
Besuch von ehemaligen Absolventen der Universität Rostock, 30 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank, *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Besuch des Genomzentrums mit *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Senula, Dr. C. Zanke).
14. Mai 2014
Besuch einer Gruppe ehemaliger Rotary Präsidenten verschiedener Bereiche, 39 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Genbankführung, Vorführung der automatischen Gewächshäuser (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Junker).
16. Mai 2014
Besuch einer Delegation des Ministry of Industry and Trade (MOIT), Hanoi, Vietnam, 5 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und der *LemnaTec*-Anlage, Evaluierung genetischer Ressourcen mit Proteom und Metabolom-Ansätze (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Weigelt-Fischer, Dr. H.-P. Mock).
20. Mai 2014
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Mitarbeiter der Firma Arvalis, Frankreich, 11 Personen (Dr. K.J. Dehmer).
20. Mai 2014
Besuch deutscher Fachreferenten für Pflanzengesundheit, 45 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (Dr. K.J. Dehmer).
21. Mai 2014
Besuch der Kuratorin der Arche Noah-Kartoffelsammlung, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (U. Behrendt, Dr. K.J. Dehmer, K. Diekmann, K. Göhrke).
24. Mai 2014
Besuch des Staatssekretärs Dr. Peter Sanftleben, Ministerium für Landwirtschaft, Umwelt und Verbraucherschutz, Mecklenburg-Vorpommern, und geladene Gäste zum Tag der offenen Tür, ca. 100 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterungen zum Stand der Arbeiten der Teilsammlungen Nord (K. Ploen, E. Willner).
30. Mai 2014
Besuch des Freundeskreises des Botanischen Gartens der Universität Mainz, 37 Personen, Begrüßung und Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank und Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser).
2. bis 4. Juni 2014
Besuch von Prof. Reynolds, CIMMYT-Vertreter und Bayer CropScience, 3 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank und der *LemnaTec*-Anlage, Feld- und Gewächshausführung, Vortrag zur Pflanzenernährung, Nutzung von PGR (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. N. Stein, Prof. Dr. N. von Wierén, Dr. K. Neumann, P. Schreiber).
4. Juni 2014
Besuch von Studenten der FH Südwestfalen, Fachbereich Agrarwirtschaft, Soest, 10 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Besichtigung der Feldflächen (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser).
5. Juni 2014
Besuch von Studenten der Hochschule Wismar, Fakultät für Ingenieurwissenschaften, Verfahrenstechnik biogener Rohstoffe und Schüler der Fachoberschule Wismar, 19 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (E. Willner).
11. Juni 2014
Besuch von Studenten im Rahmen einer Exkursion des Masterstudiengangs *Angewandte und Molekulare Biologie der Pflanzen* der Universität Hamburg, 13 Personen, Vorstellung des Instituts und der Arbeitsgruppe Angewandte Biochemie mit Führung durch die Labore, Besichtigung des Pflanzengenom-Ressourcen-Centrums (PGRC), Vorstellung und Führung durch die Kulturpflanzenbank (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. H.-P. Mock, Dr. habil. P. Schweizer, Dr. U. Lohwasser).
13. Juni 2014
Besuch von französischen Studenten an der Hochschule Anhalt, Bernburg, 10 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank und der Herbar- und Samensammlung, Vorführung der automatischen Gewächshäuser (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, Dr. K. Neumann).
18. Juni 2014
Besuch von Ayed Al-Abdallat, ICARDA, Marokko, 2 Personen, Begrüßung und Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank, Vorführung der automatischen Gewächshäuser (Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Neumann, Dr. M. Nagel).
18. Juni 2014
Besuch von Studenten der Hochschule Weihenstephan, 30 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Genbankführung, Vorführung der automatischen Gewächshäuser, Einblick in die Wurzelforschung (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Neumann, Dr. B. Gruber, R. Sammler).

18. Juni 2014
Besuch von Studenten der Hochschule Cottbus, 21 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (E. Willner).
19. Juni 2014
Exkursion SAATEN-UNION, Rumänien und Russland, 40 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank (Dr. U. Lohwasser).
19. Juni 2014
Besuch ehemaliger Studenten am Institut für Allgemeine Botanik der Universität Hamburg, Herbarium Hamburgense, 17 Personen, Vorstellung des Instituts mit Schwerpunkt Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Feldführung (Dr. S. Odparlik, Dr. K. Pistrick, P. Schreiber).
20. Juni 2014
Exkursionsteilnehmer der Abt. VZD des IPK Gatersleben, 18 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeiten der Teilsammlungen Nord Malchow (E. Willner).
25. Juni 2014
Besuch einer Seniorengruppe, Halle/S., 13 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung des Samenkühllagers, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Besichtigung des Staudengartens (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, U. Schröder, Dr. S. Odparlik).
26. Juni 2014
Besuch von Schülern einer 12. Klasse des Fachgymnasiums Stralsund, 26 Personen, Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (U. Behrendt).
30. Juni 2014
Besuch von Studenten der Universität Kassel-Witzenhausen, 14 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (U. Behrendt, Dr. K.J. Dehmer).
1. Juli 2014
Besuch von Personalratsmitgliedern des IPK Gatersleben in der Außenstelle Nord, 6 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente und Erläuterung der Arbeiten der Teilsammlungen Nord sowie Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (E. Willner, Dr. K.J. Dehmer).
7. Juli 2014
Besuch von Masterstudenten der BioMath GmbH, Angewandte Statistik und Informatik in den Biowissenschaften, Universität Rostock, 14 Personen, Vorstellung des Instituts, Einsatz von Transformationstechniken bei Getreide, Gentechnische Veränderungen im Winterweizenkorn – Methoden und Ergebnisse, Erzeugung von Wertstoffen und pharmazeutischen Wirkstoffen in Pflanzen (Dr. S. Odparlik, Dr. J. Kumlehn, Dr. W. Weschke, Priv.-Doz. Dr. U. Conrad).
9. Juli 2014
Im Anschluss des Vavilov-Seminars fand für Dr. Charlotte Seal, Seed Conservation Department, Royal Botanic Gardens, Kew, Wakehurst Place, West Sussex, U.K., eine Genbankführung sowie Führungen durch die Gewächshäuser und Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage statt (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, P. Schreiber, J. Marlow).
14. Juli 2014
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente für Mitarbeiter des CIP Indien, 3 Personen (Dr. K.J. Dehmer).
5. August 2014
Besuch von Prof. Dr. C. Hohm, Universität Flensburg, und Prof. M. Werger, Utrecht, 4 Personen, Besichtigung des Samenkühllagers, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Informationen über die *in vitro*-Erhaltung und Kryolagerung (Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, Dr. A. Senula).
- 13.– 14. August
Besuch von Gergely Izrael, Limagrain, Peine-Rosenthal, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der
- Arbeitsgruppe Strukturelle Zellbiologie, Führungen durch die Gewächshäuser und Feldführung, Informationen über die *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung und einige Gespräche mit Mitarbeitern der Ag Ressourcengenetik und Reproduktion (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Senula, F. Arana-Ceballos, K. Junker, A. Muszynska).
14. August 2014
Besuch von Hugo Gomez, Wheat Discovery Breeder, Bayer CropScience LP, North America Wheat Breeding und Studenten, 10 Personen, Vorstellung der Aufgaben in der Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Besichtigung des Samenkühllagers (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
20. August 2014
Im Anschluss des Vavilov-Seminar fand für Beat Boller, President EUCARPIA, Eidgenössisches Departement für Wirtschaft, Bildung und Forschung WBF, Forschungsanstalt Agroscope, Zürich, Schweiz, eine Genbankführung, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung statt, Führungen durch die Gewächshäuser und Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage, Besuch der Ag Strukturelle Zellbiologie und Informationen der Ag Bioinformatik und Informationstechnologie (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, Dr. U. Scholz, P. Schreiber, J. Marlow, A. Muszynska).
22. August 2014
Besuch von Radfahrern aus München und Umgebung, 15 Personen, Besichtigung der Genbank und eine kleine Feldführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, B. Schmidt).
27. August 2014
Besuch einer Seniorengruppe mit einem früheren Studium an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 21 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank und der Herbar- und Samensammlung, Besichtigung des Staudengartens (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, U. Schröder).
2. September 2014
Besuch von Ing. Agr. PhD, M.D. Rizza, Koordinator der Abteilung *Biotechnologie* des INIA in Uruguay, Vorstellung des Instituts und der Abteilung Molekulare Genetik, Besichtigung der Arbeitsgruppe Abiotische Stress-Genomik (Prof. Dr. T. Altmann, Dr. M. Kuhlmann, Dr. S. Odparlik).
4. September 2014
Besuch von US-amerikanischen und thailändischen Austauschschülern, Kloster Hedersleben, 66 Personen, Besichtigungen der Genbank, der Herbar- und Samensammlung und der Elektronenmikroskopie (Dr. U. Lohwasser, Dr. M. Melzer).
10. September 2014
Besuch von Mitarbeitern der NORIKA, 5 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (U. Behrendt).
11. September 2014
Besuch einer Delegation der Aga Khan Foundation, Tadjikistan, 12 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank (Prof. Dr. A. Graner, Dr. U. Lohwasser).
12. September 2014
Exkursion im Rahmen der DGP-Tagung, 11 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage und der Genbank, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Besichtigung des Samenkühllagers, Übersicht über die Forschungsaufgaben und -aktivitäten des IPK (Dr. U. Lohwasser, Dr. A. Junker, Dr. K. Pistrick, Prof. Dr. N. von Wirén).
12. September 2014
Besuch von Exkursionsteilnehmern der Hochschule Wismar, 25 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeiten (K. Ploen).
21. September 2014
Besuch einer Absolventengruppe der Universität Greifswald, 12 Personen, Führung durch die Groß

- Lüsewitzer Kartoffelsortimente (M. Vandrey).
27. September 2014
Besuch einer Seniorengruppe anlässlich eines Klassentreffens, 20 Personen, Führung durch den Staudengarten und Besichtigung des Gewächshauses (U. Schröder, J. Marlow).
14. Oktober 2014
Besuch von Studenten der Hochschule Bremen, 30 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Vortrag zu den Arbeiten der Taxonomie am IPK, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung sowie das Samenkühlager, Gewächshausbesichtigung (Dr. S. Odparlik, Dr. F. Blattner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, J. Marlow).
15. Oktober 2014
Besuch einer kanadischen Delegation in Sachsen-Anhalt, 6 Personen, Vorstellung des Instituts, Information über die bundeszentrale *exsitu*-Genbank und anschließender Rundgang, Informationen über die Zusammenarbeit mit kanadischen Wissenschaftlern und Besichtigung der Arbeitsgruppe Apomixis (Prof. Dr. A. Graner, Dr. M. Nagel, Dr. T. Sharbel).
22. Oktober 2014
Besuch von Schülern des Gymnasiums Jessen, 28 Personen, Genbankführung, Vortrag über Grüne Gentechnik (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. G. Hensel, Dr. S. Odparlik).
12. bis 13. November 2014
Besuch von Mitarbeitern des Institute for Agricultural and Environmental Research, Ås, Norwegen, 4 Personen, Vorstellung der Aufgaben der Genbank und Führung, Vorstellung der Gewächshäuser und *LemnaTec*-Anlage, Vorstellung der Genbank-Dokumentationsgruppe und der EURISCO-Datenbank, Besuch der Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung mit Vorstellung der Arbeiten und anschließender Diskussion zur Zusammenarbeit (Dr. J. Keller, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, Dr. H. Knüpfner, Dr. S. Weise).
12. bis 14. November 2014
Teilnehmer am Spezialistenlager Biologie, Landesseminar zur Vorbereitung der Internationalen Biologieolympiade, 12 Personen, Campusführung, Führung durch die Genbank und Besichtigung der Herbar- und Samensammlung, Vortrag zur Grünen Gentechnik, Elektronenmikroskopie (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser, Dr. K. Pistrick, Dr. G. Hensel, Dr. M. Melzer).
19. November 2014
Im Anschluss des Vavilov-Seminars fanden für Dr. Wim Soppe, Department of Plant Breeding and Genetics, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Köln, eine Genbankführung sowie Führungen durch die Gewächshäuser und Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage statt (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel, E. Geyer, J. Marlow, M. Allam).
2. Dezember 2014
Besuch von Schülern einer 12. Klasse des Ostseegymnasiums Rostock-Evershagen, 24 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffelsortimente (U. Behrendt).
10. Dezember 2014
Besuch von äthiopischen Auszubildenden, 4 Personen, Vorstellung des IPK und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank, der Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung und der *LemnaTec*-Anlage (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller).
16. Dezember 2014
Besuch des Landrats M. Bauer, Salzlandkreis Bernburg, 4 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Genbank (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. S. Odparlik).
- 2015**
6. Januar 2015
Führungen für Schüler einer 11. Klasse des Hanse-Gymnasiums Stralsund, 29 Personen, durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
7. Januar 2015
Führungen für Schüler einer 11. Klasse des Hanse-Gymnasiums Stralsund, 26 Personen, durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
14. Januar 2015
Im Anschluss des Vavilov-Seminars fand für Dr. Loic Rajjou, Jean-Pierre Bourgin Institute, Versailles, France eine Genbankführung statt, Vorstellung Aufgaben in der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühlager, Herbar- und Samensammlung, Gewächshaus- und Phytokammerbesichtigung sowie die Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow, P. Schreiber, Dr. M. Nagel, M. Allam).
19. Januar 2015
Besuch von Studierenden der Landwirtschaft (Bachelorstudiengang), Hochschule Anhalt, Bernburg, 17 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung des Samenkühlagers, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Besuch der Abteilung Molekulare Genetik und der Abteilung Züchtungsforschung (Dr. habil. H. Bäumlein, Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller, Priv.-Doz. Dr. A. Houben).
28. Januar 2015
Besuch einer chinesischen Delegation, DLG Training on Plant Breeding, Seed Production and Management, 14 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank, Darstellung der Zusammenarbeit in der Weizenzüchtung (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. J. Reif).
29. Januar 2015
Besuch von Gästen von Enza Zaden Beheer B.V., Enkhuizen, Netherlands, 3 Personen, Begrüßung und Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühlager, Herbar- und Samensammlung, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Gewächshaus- und Phytokammerbesichtigung sowie die Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, J. Marlow, P. Schreiber).
17. Februar 2015
Durchführung einer Tagung der Regionalberatung des Landes Sachsen-Anhalt Cheminova Deutschland und anschließende Führung durch das IPK, 34 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
18. Februar 2015
Im Anschluss des Vavilov-Seminars fand für Prof. Dr. Olivier Leprince, Institut de Recherche en Horticulture & Semences, Université d'Angers, France, eine Besichtigung der Genbank statt, Vorstellung der Herbar- und Samensammlung und des Samenkühlagers, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow, M. Grube, Dr. M. Nagel).
20. und 23. Februar 2015
Besuch von Jugendlichen der Jugendwerk Aufbau Ost JAO gGmbH, Freiwilliges Ökologisches Jahr, Berlin, je 30 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Vortrag Genetische Veränderungen bei Pflanzen und Vortrag zum Thema Grüne Gentechnik (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Kümlehn, Dr. G. Hensel).
23. Februar 2015
Besuch von Studenten (im Zusammenhang eines Studentenpraktikums), 5 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühlager, Herbar- und Samensammlung, *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Gewächshaus- und Phytokammerbesichtigung sowie die Besichtigung der *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, J. Marlow, P. Schreiber).

24. Februar 2015
Im Anschluss eines Genetischen Seminars fand für Dr. Ivan F. Acosta, Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Köln, eine Genbankführung statt (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
4. März 2015
Führung für Schüler der Fachschule für Agrarwirtschaft, Güstrow, 11 Personen, durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
5. März 2015
Führung für Teilnehmer der Fa. Hetterich-Feldversuchswesen GbR, 29 Personen, durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Versuchsarbeiten speziell mit Gräsern (A. Bothe, K. Ploen, E. Willner).
11. März 2015
Im Anschluss des Vavilov-Seminars fand für Prof. Henk Hilhorst, Wageningen Seed Lab, Laboratory of Plant Physiology, Wageningen University, The Netherlands, eine Genbankführung statt, Vorstellung der Aufgaben in der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Gewächshaus- und Phytokammerbesichtigung sowie die Besichtigung der LemnaTec-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, J. Marlow, Dr. M. Nagel, P. Schreiber).
11. März 2015
Besuch einer internationalen Gruppe von AgriGenomics Studenten, Christian-Albrechts Universität Kiel, 23 Personen, Vorstellung des Instituts und Besichtigung der Genbank mit Schwerpunkt Gerste, Besuch der LemnaTec-Anlage (Dr. L. Altschmied, Dr. N. Stein, Dr. U. Lohwasser, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. A. Junker).
13. März 2015
Besuch von Frau Thon, Mitteldeutsche Zeitung Aschersleben, 6 Personen, Besichtigung des Instituts und Führung auf dem Gelände (Dr. S. Odparlik).
19. März 2015
Besuch von PhD students of the International Max Planck Research School (IMPRS), Jena, 18 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank, Vortrag Nutrient sensing in plants, Führung durch die LemnaTec-Anlage (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. N. von Wirén, Dr. K. Neumann).
26. März 2015
Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für Schüler einer 9. Klasse aus Wesenberg, 28 Personen (U. Behrendt).
27. März 2015
Besucher der Astronomischen Gesellschaft Magdeburg e.V., 12 Personen, Vorstellung und Besichtigung der Genbank (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
30. März 2015
Besuch des Präsidenten der Leibniz-Gemeinschaft, Herrn Prof. Dr. M. Kleiner, Begrüßung und Leitungsgespräche mit dem Direktorium, Institutsrundgang zur Vorstellung zentraler Infrastruktureinheiten, Mitarbeiterversammlung mit Diskussion, Gespräch mit Nachwuchswissenschaftlern, Abschlussgespräch mit dem Direktorium (alle Mitarbeiter).
10. April 2015
Besuch von vier Kartoffel-Interessenten aus Berlin, 4 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
11. April 2015
Besuch von Schülern des Schülerforschungszentrums Nordhessen, Universität Kassel, 36 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. der A. Börner).
14. April 2015
Besuch von Mitgliedern des Round Table Deutschland, Wernigerode, 25 Personen, Vorstellung des Instituts, Führung durch die Genbank, Besichtigung des Genomzentrums (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. habil. P. Schweizer, H.S. Razzak).
16. April 2015
Besuch von Schülern einer 7. Klasse aus Marnitz, 32 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
21. April 2015
Besuch von Gästen aus INRA, Mauguio, France, 2 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben in der Genbank, Informationen zur Genbankdokumentation, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Gewächshaus- und Phytokammerbesichtigung (Dr. H. Knüpfner, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, Dr. S. Weise, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, M. Oppermann).
22. April 2015
Im Anschluss des Vavilov-Seminars fand für Dr. St. Penfield, John Innes Centre, Norwich, UK, eine Genbankführung statt: Vorstellung der Aufgaben in der Genbank, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Gewächshaus- und Phytokammerbesichtigung sowie Besichtigung der LemnaTec-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick, J. Marlow, Dr. M. Nagel, P. Schreiber).
27. April 2015
Besuch von Alonso Gonzalez Mejia, Director de Investigación y Desarrollo, Mosquera, Colombia, Vorstellung der Genbank und Besichtigung der LemnaTec-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. A. Junker).
6. Mai 2015
Führung für Teilnehmer eines Absolvententreffens, 12 Personen, durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeiten (K. Ploen).
7. Mai 2015
Besuch des Vizepräsidenten und Mitarbeiter des JKI Groß Lüsewitz, 11 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
8. Mai 2015
Besuch von Bewerber-Kandidatinnen zum 7. Rapsblütenfest als Poeler Rapskönigin, 5 Personen, Führung durch die Malchower Ölpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Bedeutung von Raps (E. Willner).
28. Mai 2015
Führung im Zusammenhang mit der Sommertagung der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Abteilung Öl- und Eiweißpflanzen, Bonn, 55 Personen, Vorstellung des Instituts, Besichtigung der Genbank, des Genomzentrums und der LemnaTec-Anlage (Prof. Dr. T. Altmann, Dr. U. Lohwasser, Dr. N. Stein).
29. Mai 2015
Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeiten für Exkursionsteilnehmer des Vereins Netzwerk lokale Lebenskultur e.V. Wismar, 12 Personen (A. Bothe, E. Willner).
30. Mai 2015
Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterungen zum Stand der Arbeiten der Teilsammlungen Nord für geladene Gäste und Führung von Landwirten zum Tag der offenen Tür, ca. 150 Personen (A. Bothe, K. Ploen, E. Willner, H. Kniep).
4. Juni 2015
Besuch von Studenten der Universität Rostock, 9 Personen, Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente (U. Behrendt).
4. Juni 2015
Besuch von Studenten der Hochschule Cottbus, Fakultät für Ingenieurwissenschaften, 25 Personen, Führung durch die Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente der IPK-Genbank und Erläuterung der Arbeit einer Genbank (A. Bothe, E. Willner).
6. Juni 2015
Besucher aus Narvate Ponienet, Benito Juárez, Mexico, 4 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Genbankführung (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser).

9. Juni 2015
Teilnehmer der Sommer-
tagung der Arbeitsgruppe
Gemüse der GPZ und der
GFP-Abteilung Gemüse,
Heil- und Gewürzpflanzen,
Bonn, 30 Personen, Vor-
stellung der Genbank und
der Gemüse- und Kräuter-
kollektion, Erhaltung und
Screening als Ressource für
Forschung und Züchtung,
Genbank- und Feldführung
(Prof. Dr. A. Graner, Dr. U.
Lohwasser, P. Schreiber).
10. Juni 2015
Besuch von Mitgliedern
des DLG-Ausschusses
für Pflanzenzüchtung und
Saatgut, Frankfurt/M., 12
Personen, Vorstellung des
Instituts, Führung durch
die Genbank, Besichti-
gung der Genbankfelder,
Versuchsfeldführung (Dr. S.
Odparlik, Dr. U. Lohwasser,
P. Schreiber, Dr. V. Mirdita).
11. Juni 2015
Besuch von Vertriebsmitar-
beitern der Limagrain GmbH
und züchtungsinteressierten
Landwirten, Edemissen, 63
Personen, Führung durch
die Genbank, Feldführung
der Genbank-Vermehrungen
(Priv.-Doz. Dr. A. Börner,
Dr. M. Nagel, P. Schreiber).
17. Juni 2015
Besuch einer Gruppe
Landfrauen, Westeregeln,
18 Personen, Vorstellung
des Instituts, Besichtigung
des Samenkühllagers,
Vorstellung der Herbar- und
Samensammlung, Führung
durch den Staudengarten
(Dr. S. Odparlik, S. Pistrick,
Dr. K. Pistrick, U. Schröder).
23. Juni 2015
Im Zusammenhang mit
einem COST Meeting
wurde eine Genbankführung
durchgeführt, 25 Teilneh-
mer (Dr. U. Lohwasser).
24. Juni 2015
Besuch von Masterstudie-
renden der FH Südwestfalen,
Soest, 9 Personen, Vorstel-
lung des Instituts und der Auf-
gaben der Genbank, Führung
durch die Genbank, Nutzbar-
machung der genetischen
Ressourcen (Versuchsfeldführung), Besichtigung
der Genbankfelder (Dr. S.
Odparlik, Dr. U. Lohwasser,
Dr. V. Mirdita, P. Schreiber).
24. Juni 2015
Besuch von Schülern einer
12. Klasse des Fachgymnasi-
ums Stralsund, 34 Personen,
Führungen durch die Groß
Lüsewitzer Kartoffel-Sor-
timente (U. Behrendt).
25. Juni 2015
Besuch von Dr. Götz,
DSMZ, mit vietnamesischen
Kollegen, 5 Personen,
Besichtigung der Genbank
und der Arbeitsgruppe
In vitro-Erhaltung und
Kryolagerung, Führung
durch das Genomzentrum,
Besichtigung der Genbank-
felder (Dr. U. Lohwasser,
Dr. J. Keller, Dr. N. Stein).
25. Juni 2015
Besuch von Schülern
einer 10. Klasse des Gerhart
Hauptmann Gymnasiums,
Wismar, 34 Personen,
Führung durch die Groß
Lüsewitzer Kartoffel-Sor-
timente (U. Behrendt).
26. Juni 2015
Teilnehmer der Kartoffel-
bau-Exkursion des Bio-
land-Erzeugerrings Bayern
e.V., 30 Personen, Führung
durch die Groß Lüsewitzer
Kartoffel-Sortimente (Dr. K.J.
Dehmer, K. Diekmann).
29. Juni 2015
Besuch von Studenten der
Universität Kassel-Witzenhau-
sen, 18 Studenten, Führung
durch die Groß Lüsewitzer
Kartoffel-Sortimente (M.
Vandrey, U. Behrendt).
29. Juni 2015
Besuch von Studenten der
Georg-August-Universität
Göttingen, 18 Personen,
Vorstellung des Instituts und
der Aufgaben der Genbank,
Genbankführung, Informa-
tionen über die Aufgaben
der *in vitro*-Erhaltung und
Kryokonservierung, Führung
durch die Gewächshäuser
und Besichtigung der *Lem-
naTec*-Anlage, Feldführung
(Priv.-Doz. Dr. A. Börner,
Dr. M. Nagel, J. Marlow,
Dr. J. Keller, P. Schreiber).
1. Juli 2015
Besuch von Gärtnern,
Festung Königstein, 4
Personen, Vorstellung des
Instituts, Besichtigung der
Genbank, Feldführung
(Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz.
Dr. A. Börner, P. Schreiber).
10. Juli 2015
Besuch von Landtagsabge-
ordneten der SPD-Fraktion,
Arbeitskreis Landwirtschaft
und Umwelt, 5 Personen,
Führung durch die Malcho-
wer Öl- und Futterpflan-
zen-Sortimente der IPK-Gen-
bank und Erläuterung der
Arbeiten der Teilsammlungen
Nord, Malchow (E. Willner).
16. Juli 2015
Besuch von Masterstudenten
der Agrar- und Umweltwis-
sensschaftlichen Fakultät,
Universität Rostock, 10
Personen, Vorstellung
des Instituts, Einsatz von
Transformationstechniken
bei Getreide, Gentechnische
Veränderungen im Winter-
weizenkorn – Methoden und
Ergebnisse, Erzeugung von
Wertstoffen und pharmazeuti-
schen Wirkstoffen in Pflanzen
(Dr. S. Odparlik, Dr. J.
Kumlehn, Dr. W. Weschke,
Prof. Dr. U. Conrad).
22. Juli 2015
Führung durch die Botani-
schen Vergleichssammlun-
gen für A. Krieger-Liszkay,
CEA Saclay, Gif-sur-Yvet-
te (Dr. K. Pistrick).
4. August 2015
Besuch von Sonnenblumen-
züchter aus Argentinien,
2 Personen, Vorstellung
des Instituts und der
Aufgaben der Genbank,
Genbank- und Feldfüh-
rung (Dr. U. Lohwasser).
13. August 2015
Besucher vom Bundesamt
für Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit
(BVL, Berlin), Ministerium
für Landwirtschaft, Umwelt
und Verbraucherschutz
Mecklenburg-Vorpommern
(Schwerin) und dem Juli-
us-Kühn-Institut Quedlinburg,
4 Personen, Führung durch
die Genbank und Feldfüh-
rung (Dr. U. Lohwasser).
19. August 2015
Führung durch die Botani-
schen Vergleichssammlun-
gen für G. Desheva, Bulgari-
sche Genbank Sadovo und
eine Gruppe von IPK-Studen-
ten und -Praktikanten der
Genbank (Dr. K. Pistrick).
24. August 2015
Führung durch die Groß
Lüsewitzer Kartoffel-Sor-
- timente für eine polnische
Mitarbeiterin der Firma
Syngenta und einen Mitar-
beiter der Firma Norika, 2
Personen (K. Diekmann).
28. August 2015
Besuch von Jungbauern,
Landkreis Schwäbisch-Hall,
28 Personen, Vorstellung des
Instituts und der Aufgaben
der Genbank, Genbankfüh-
rung, Feld- und Gewächs-
hausführung (Dr. S. Odparlik,
Dr. M. Nagel, P. Schreiber).
31. August 2015
Besuch von Exkursionsteil-
nehmern des Landfrauenver-
eins Wersabe, Niedersach-
sen, 21 Personen, Führung
durch die Malchower Öl- und
Futterpflanzen-Sortimente
der IPK-Genbank und Erläute-
rung der Arbeiten (E. Willner).
10. September 2015
Besuch von Düngemittel-
produzenten im Rahmen
des Landesarbeitskreises
Düngung (LAD), Niedersach-
sen/Sachsen-Anhalt, 15
Personen, Vorstellung des
Instituts und der Aufgaben
der Genbank, Genbank-
und Gewächshausführung
(Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz.
Dr. A. Börner, J. Marlow).
21. September 2015
Im Zusammenhang eines
Studentenpraktikums von
Dr. K. Neumann und Dr. B.
Kilian 10 Studenten, wurde
eine Führung durch die
Genbank durchgeführt
(Dr. U. Lohwasser).
22. September 2015
Besuch von drei 11. Klas-
sen des Grünen Labors
Gatersleben, 63 Personen,
Vorstellung der Genbank und
Besichtigung der Samm-
lungen: Samenkühllager,
Herbar- und Samensamm-
lung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
24. September 2015
Besuch von Schülern
der 4. Klasse der Sig-
mund-Jähn-Oberschule
Hedersleben, 27 Personen,
Vorstellung der Aufga-
ben in der Genbank und
Besichtigung der Samm-
lungen: Samenkühllager,
Herbar- und Samensamm-
lung (Dr. U. Lohwasser).
25. September 2015
Besuch von Auszubilden-

- den der Freien Ausbildung Niedersachsen, 16 Personen, Vorstellung des Instituts, Genbank- und Gewächshausführung, Vortrag/ Labor- und Phytokammerführung, Abschlussdiskussion zu biotechnischen und ethischen Fragen (Dr. S. Odparlik, Dr. U. Lohwasser, J. Marlow, Dr. G. Hensel).
25. September 2015
Besuch der bulgarischen Gastprofessorin Violeta Bozhanova (Agricultural Academie, Sofia) im JKI Quedlinburg, Vorstellung des Instituts, Genbankführung, Führung durch die *LemnaTec*-Anlage (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. A. Junker).
30. September 2015
Besuch von Mitarbeitern des Nordic Genetic Resource Center (NordGen), Alnarp, Sweden, 22 Personen, Vorstellung des Instituts, Nutzung der pflanzen-genetischen Ressourcen, Besichtigung der Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Besuch im Herbarium und der *LemnaTec*-Anlage, Führung durch die *ex situ*-Genbank (Prof. Dr. A. Graner, Dr. N. Stein, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, Prof. Dr. T. Altmann, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
30. September 2015
Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen von S.K. Malik, NBPGR New Delhi (Dr. K. Pistrick).
2. Oktober 2015
Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für Schüler des FSJ aus Wismar und zwei Personen der Gärtnerei Naturwuchs, 25 Personen (U. Behrendt).
2. Oktober 2015
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für eine Mitarbeiterin des VIR St. Petersburg sowie einen Mitarbeiter des JKI Groß Lüsewitz, 2 Personen (K.J. Dehmer).
7. Oktober 2015
Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für Schüler der 4. Klasse der Grundschule Dummerstorf, 43 Personen (U. Behrendt).
19. Oktober 2015
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für Schüler einer 4. Klasse der Grundschule Reutershagen, Rostock, 25 Personen (U. Behrendt).
20. Oktober 2015
Besuch von Studenten der Hochschule Bremen, 28 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Vortrag zu den Arbeiten der Taxonomie am IPK, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung und des Samenkühllagers, Gewächshausbesichtigung (Dr. L. Altschmied, Dr. F. Blattner, Dr. K. Pistrick, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow).
20. Oktober 2015
Führung durch die Botanischen Vergleichssammlungen für Auszubildende des IPK (Dr. K. Pistrick).
23. Oktober 2015
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für Schülerpraktikanten der Fa. Norika, 2 Personen (U. Behrendt).
24. Oktober 2015
Besuch von Mitgliedern des Lions Clubs, Kreis Celle, 25 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Genbankführung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
3. November 2015
Besuch von Landwirten der Syngenta Agro GmbH, Magdeburg, 20 Personen, Vorstellung des Instituts, Genbank- und Gewächshausführung (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, J. Marlow).
4. November 2015
Besuch von Prof. Dr. V. Mohler (Vavilov-Seminar), Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL), Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising, Vorstellung der Aufgaben der Genbank, Genbankführung, Besichtigung der Sammlungen: Samenkühllager, Herbar- und Samensammlung, Gewächshausführung, Informationen über die Aufgaben der *in vitro*-Erhaltung und Kryokonservierung und Führung durch die *LemnaTec*-Anlage (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. U. Lohwasser, J. Marlow, Dr. K. Pistrick, Dr. M. Nagel).
9. November 2015
Führung durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für einen australischen Kartoffelverarbeiter sowie einen Mitarbeiter der Fa. Norika, 2 Personen (K.J. Dehmer).
11. November 2015
Besuch von Schülern zur Vorbereitung der Internationalen Biologieolympiade, Grünes Labor Gatersleben e.V., 14 Personen, Vorstellung des IPK, Genbankführung, Gentechnik in der Pflanzenforschung und -züchtung, Besichtigung des Labors der Arbeitsgruppe Pflanzliche Reproduktionsbiologie, Gewächshausbesichtigung (A. Mesecke, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Kümlehn).
13. November 2015
Besuch von Studenten des 1. und 3. Semesters der Landwirtschaftsschulen Bayreuth und Münchenberg, 50 Personen, Vorstellung des Instituts, Vortrag Züchtungsforschung, Phänotypisierung/Führung durch die *LemnaTec*-Anlage, Genbankführung (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Houben, Dr. K. Weigelt-Fischer, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
17. November 2015
Besuch von Studenten der Hochschule Anhalt, Bereich Landwirtschaft, Bernburg, 15 Personen, Führung durch die Genbank und die Herbar- und Samensammlung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick).
23. November 2015
Im Rahmen eines Ag-Seminars Besuch von Ernst Benary Zierpflanzensamen-zucht GmbH, 8 Personen, Vorstellung der Genbank, Besichtigung der Genbank-einrichtungen: Taxonomie, Kühllager, Trocknung, Aufbereitung, Besichtigung der Ag *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung, Führung durch die Gewächshäuser und Besichtigung Phänotypisierung (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, J. Marlow, P. Schreiber).
24. November 2015
Führungen durch die Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente für Schüler einer 12. Klasse des Schulcampus Evershagen, 21 Personen (U. Behrendt).
8. Dezember 2015
Besuch der Masterstudenten, 5. Semester, Kurs Pflanzen-biotechnologie, Hochschule Anhalt, Bernburg, 20 Personen, Vorstellung des Instituts und der Aufgaben der Genbank, Genbankführung, Laborführungen der Arbeitsgruppen Genregulation sowie Chromosomenstruktur und -funktion (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. habil. H. Bäumlein, Dr. D. Demidov).
17. Dezember 2015
Besuch von Mitarbeitern der KWS Lochow GmbH, 42 Personen, Vorstellung des Instituts, Genbankführung, Besichtigung der Herbar- und Samensammlung und des Samenkühllagers, Führung durch die *LemnaTec*-Anlage (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. L. Altmann, Dr. K. Pistrick).
18. Dezember 2015
Besuch von Dr. Vandana Tyagi, National Bureau of Plant Genetic Resources (NBPGR), India, Vorstellung der Genbank, Besichtigung der Genbankeinrichtungen: Taxonomie, Kühllager, Trocknung, Aufbereitung, Besichtigung der Ag *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung sowie Phänotypisierung (Dr. U. Lohwasser, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick, Dr. K. Neumann).
18. Dezember 2015
Besuch von MitarbeiterInnen des Teilprojektes *Sammeln auf Eis gelegt* des BMBF-Projektes *Die Sprache der Bio-fakte*, Technische Universität Braunschweig, 3 Personen, Besuch der Vergleichssammlung und anschließendes Gespräch, Genbankführung, Führung durch die Arbeitsgruppe *In vitro*-Erhaltung und Kryolagerung (Dr. S. Odparlik, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. J. Keller, Dr. K. Pistrick).

Pressemitteilungen/Press Releases

2014

16. Juni 2014
Ein neues Hybridsystem für Weizen steht zur Verfügung. Durchbruch bei der Hybridzucht dank gelungener Zusammenarbeit von öffentlicher Forschung und regionalem Mittelstand.
24. Juni 2014
Neuen Weizen braucht die Welt. Deutsche Pflanzenforscher sind erfolgreich auf dem Weg zur Entschlüsselung des Weizengenoms.
25. Juni 2014
Internationale Konferenz der Europäischen Gesellschaft für Züchtungsforschung (EUCARPIA) in Wernigerode. 330 Wissenschaftler aus 46 Ländern diskutieren vom 29. Juni bis zum 4. Juli 2014 in Wernigerode über neue wissenschaftliche Ansätze zur Zucht von Getreidesorten, die geeignet sind, die globalen gesellschaftlichen und klimatischen Herausforderungen für die Nahrungsmittelproduktion bewältigen zu können.
2. Juli 2014
Aufdeckung der molekularen Hintergründe für die Anpassung von Weizen an ertragsmindernde Borkonzentrationen im Fachblatt Nature. Erfolgreicher Ausgang eines gemeinsamen Projektes australischer Pflanzenforscher gemeinsam mit ihrem deutschen Kollegen aus dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben.
18. Juli 2014
Erster Entwurf der Sequenz des Brotweizengenoms liegt vor. Ein wichtiger Durchbruch für die moderne Weizenzüchtung.
7. August 2014
Vereinbarkeit weiter denken: Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

(IPK) erhält Zertifikat zum audit *berufundfamilie*.

15. September 2014
Richtfest für neue Pflanzenkulturhalle am IPK Gatersleben. Eine maßgebliche Erweiterung der Forschungsinfrastruktur.
21. Oktober 2014
Planbarkeit und Perspektiven für den Wissenschaftlichen Nachwuchs – Einladung zum Diskurs. Das PostDoc Board des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) lädt interessierte Nachwuchswissenschaftler vom 11. bis zum 12. November 2014 zu einem Austausch nach Gatersleben ein
21. Oktober 2014
Gaterslebener Pflanzenforscher entdecken einen umgekehrten Ablauf der Entstehung von Geschlechtszellen.
21. Oktober 2014
Wissenschaftler aus dem IPK Gatersleben erfolgreich beim Ideenwettbewerb Scidea 2014.
4. November 2014
Das IPK Gatersleben und das IGDB Peking bündeln ihre Kräfte. Am 20. Oktober 2014 unterzeichneten das IPK Gatersleben und das Institut für Genetik und Entwicklungsbiologie (IGDB) Peking eine Kooperationsvereinbarung.
9. Dezember 2014
In Äthiopien verlorene Kulturpflanzen kehren in ihr Ursprungsland zurück.

2015

2. März 2015
Das IPK wird Koordinator des German Crop Bioinformatics Network.
5. März 2015
Schatzkammern zum Schutz der Kulturpflanzenvielfalt.
18. März 2015
Mensch und Natur im Zeitalter des Anthropozän. Vom 7. bis zum 8. Mai 2015 findet am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung das 4. Gaterslebener Gespräch statt.
19. März 2015
Heisenberg-Stipendium für Thorsten Schnurbusch.
23. März 2015
Einladung zur feierlichen Unterzeichnung der Kooperationsvereinbarung zwischen dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung und der Grundschule *Kaethe Schulken* in Gatersleben.
22. April 2015
Das IPK Gatersleben erfolgreich im Leibniz-Wettbewerbsverfahren.
27. April 2015
Das IPK Gatersleben auf der EXPO 2015 in Mailand.
4. Mai 2015
Kunstausstellung und Schriftstellerlesung am IPK Gatersleben. Die Veranstaltung ist Teil des 4. Gaterslebener Gesprächs am 7. Mai 2015.
14. Mai 2015
Tag der offenen Tür und 7. Fest der Begegnung auf dem Biotechnologie-Campus Gatersleben.
26. Juni 2015
Tagung der International Society for Seed Science in Wernigerode.
26. Juni 2015
Äthiopische Praktikanten bilden sich am IPK weiter.
3. August 2015
Von der Entstehung des Ackerbaus – Grundlagen für die Domestikation der Gerste aufgeklärt.
21. August 2015
Große Chance für die Pflanzenzüchtung: IPK Forscher beschreiben neue Methode für die Erzeugung haploider Pflanzen in der Fachzeitschrift PNAS.
1. September 2015
Leibniz-DAAD-Stipendiatin Dr. Sara Guilia Milner, Universität Bologna, am IPK Gatersleben.
10. September 2015
Neue Möglichkeit zur Ertragssteigerung beim Weizen.
14. Oktober 2015
Doppelte Auszeichnung: Der

11. Rudolf Mansfeld-Preis würdigt gleich zwei Nachwuchswissenschaftler.

22. Oktober 2015
Vielfältiger als gedacht: Gaterslebener Forscher erweitern das traditionelle Bild vom Aufbau der Chromosomen.
19. November 2015
Zwei Veranstaltungen – Ein Thema: Ein Projekt-Workshop zum Thema *Kryostress* und die GDK-Tagung *Biobanken: Ressource für Wissenschaft, Diagnostik und Therapie* vom 25. bis 27. November am IPK Gatersleben.
2. Dezember 2015
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft fördert Sequenzierung des Weizengenoms.
10. Dezember 2015
Durchbruch: Heterosiseffekt beim Weizen systematisch nutzbar. Forscher am IPK entwickeln einen ersten Ansatz, um den besonders effektiven Mechanismus der Ertragssteigerung, die Kreuzung reinerbiger Elternlinien beim Weizen, zu nutzen.
17. Dezember 2015
Auszeichnung: IPK Wissenschaftler erhält mit zwei Millionen Euro dotierten ERC Consolidator Grant.
21. Dezember 2015
IPK als digitales Ressourcen-zentrum akzeptiert: Nature Scientific Data veröffentlicht umfassenden Einblick in die genetische Vielfalt von Raps.

Beiträge in der Presse und den Medien/Contributions in Press and Media

(soweit erfasst/as for registered)

2014

17. Januar 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Graben ist tiefer geworden – Die junge Arbeitsgemeinschaft bäuerliche Landwirtschaft*

- demonstriert vor dem Tor des Leibniz-Instituts für Pflanzen-genetik und Kulturpflanzen-forschung (Dr. W. Weschke, Prof. Dr. I. Schubert).
11. Februar 2014
MDR-Team zum Dreh für LexiTV: *Bionik – Von der Natur abgesehen* (Dr. U. Conrad).
12. Februar 2014
MDR-Team zum Dreh für LexiTV: *Kreisläufe in der Natur* (Dr. W. Weschke, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. T. Schnurbusch, R. Giehl).
13. März 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Nadel im Heuhaufen gefunden* – Forscher um Gaterslebener Wissenschaftler haben das Gen entdeckt, das Wintergerste vor einer schlimmen Viruserkrankung schützt (N. Wahle, Dr. N. Stein).
29. März 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Holländische Gen-Tomate* – Kees de Vries informiert sich über die Grüne Gentechnik (Prof. Dr. A. Graner, Dr. J. Kümlehn).
7. April 2014
Dreharbeiten für Imagefilm des WissenschaftsCampus Halle (J. Marlow, Dr. P. Schweizer, Dr. K. Neumann, Dr. W. Weschke, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. K. Pistrick).
6. Mai 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Biologen präsentieren ihre Arbeit* (N. Wahle).
14. Mai 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *4.500 Euro für den Erhalt des Labors* (Prof. Dr. A. Graner).
19. Mai 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Wissenschaft zum Anfassen* – Tag der offenen Tür auf dem Biologie-Campus in Gatersleben lockt auch in diesem Jahr wieder viele interessierte Besucher an (Dr. S. Odparlik).
18. Juni 2014
Wochenspiegel: *Lotto Sachsen-Anhalt unterstützt Grünes Labor* (Dr. S. Odparlik).
8. Juli 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Die Pflanzenflüsterer* – Fachleute aus Australien und vom Leibniz-Institut Gatersleben haben in Weizen das Gen für die Toleranz gegenüber Bor entschlüsselt (Dr. T. Schnurbusch).
13. August 2014
DIE WELT, Telefoninterview: *Der Schlüssel zum resistenten Getreide* (Dr. B. Kilian).
22. August 2014
ARD-alpha: Dreharbeiten einer mehrteiligen Dokumentation zum Thema *Unser Essen der Zukunft* (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. S. Odparlik).
- 13./14. September 2014
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Kunstwelt mit Krone* – In Gatersleben entsteht weltweit einzigartige Pflanzenkulturhalle (Prof. Dr. A. Graner, Prof. Dr. T. Altmann).
5. Oktober 2014
Berliner Zeitung, Interviews: *Garten Eden, tiefgefroren* (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. S. Odparlik).
15. November 2014
mdr-Fernsehen, TV Serie *Unterwegs in Sachsen-Anhalt: Auf dem R1 zwischen Ermsleben und Staßfurt* (Dr. S. Odparlik).
27. November 2014
transkript.de, Interview: *Braucht die Bioökonomie die Grüne Gentechnik?* (Prof. Dr. T. Altmann).
- Dezember 2014
Leibniz-Journal 4/2014: *Aktenzeichen P* (Dr. K.J. Dehmer).
- Dezember 2014
Leibniz-Journal 4/2014, Interview: *Sachliche Debatte statt Glaubenskrieg* (Prof. Dr. A. Graner).
- 2015**
8. Januar 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Zukunft in Gefahr*, Grünes Labor - Trotz 30.000 Besuchern in acht Jahren fehlt das Geld für Projekte (Prof. Dr. A. Graner).
13. Januar 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Das Wesen der Pollen*. Am IPK Gatersleben wird eine Methode entwickelt, um in Gerste die Wahrscheinlichkeit genetischer Eigenschaften vorherzusagen (Dr. A. Houben).
20. Januar 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Riechende Regenwürmer*. Gaterslebener experimentieren bei der Grünen Woche mit Berliner Schülern in der Messehalle 3.2. auf dem Erlebnisbauernhof (Grünes Labor und Biologielaborantinnen des IPK: M. Fabig, M. Wittig).
30. Januar 2015
VDI Nachrichten: *Pflänzchen vom Fließband* (Prof. Dr. T. Altmann, Prof. Dr. A. Graner).
18. Februar 2015
Bioland: *Genbank Gatersleben – Die eiskalte Arche* (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. S. Odparlik).
3. März 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *IPK Gatersleben koordiniert Netzwerk. Pflanzenforscher arbeiten an Lösungen für den Umgang mit großen Datenmengen* (Dr. S. Odparlik).
9. März 2015
MDR Fernsehen, Redaktion LexiTV: Dreharbeiten im IPK (Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. S. Odparlik).
- 14./15. März 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Ausweg aus der Dauerkrise?* Bildungspolitischer Schellenberger (CDU) fordert, dass das IPK das Grüne Labor übernimmt. Förderverein und Kultusministerium offen für den Vorschlag (Prof. Dr. A. Graner).
18. März 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Foto-Marathon unter Wolken*. Die Vietnamesin Ly Hoang lebte als Kind in Gatersleben. Ihrem Ehemann aus den USA zeigt sie nach 20 Jahren Orte ihrer Kindheit (Dr. S. Odparlik).
27. März 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Forschung trifft Kindheit*. Warum von einer Kooperation Schule und Leibniz-Institut profitieren (Dr. S. Odparlik).
22. April 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Gespräche über die Zukunftsgestaltung* (Dr. S. Odparlik).
24. April 2015
ARD alpha, Dreharbeiten und Interview: Journalistenkollegs *Tauchgänge in die Wissenschaft*; Film über die Leopoldina (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Prof. Dr. I. Schubert, Dr. P. Schweizer).
29. April 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Samen auf großer Fahrt*. Die Genbank des Leibniz-Instituts Gatersleben ist auf der Weltausstellung in Milano vertreten (Dr. S. Odparlik).
13. Mai 2015
MDR Sachsen-Anhalt, Halle/S.: Erläuterungen zu pflanzen genetischen Ressourcen und Botanischen Vergleichssammlungen für die Sendung *Die Schatzkammer der Pflanzenzüchter* (K. Pistrick).
18. Mai 2015
Braunschweiger Zeitung: *Grüne Gentechnik – Unerslässlich für die Zukunft?* (Prof. Dr. A. Graner, Dr. habil. P. Schweizer, Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
23. Mai 2015
Stuttgarter Zeitung: *Schöne neue Pflanzenwelt* (Prof. Dr. A. Graner, Priv.-Doz. Dr. A. Börner, Dr. habil. P. Schweizer).
- 23./24. Mai 2015
Super Sonntag, Aschersleben: *Was macht die Wissenschaft mit Pflanzen?* (Dr. S. Odparlik).
26. Mai 2015
mdr Sachsen-Anhalt: *Die Schatzkammer der Pflanzenzüchter* (Dr. S. Odparlik, Dr. K. Pistrick).
4. Juni 2015
Mitteldeutsche Zeitung, Aschersleben: *Kleider aus Milch und Kräuterteilen*. Das Gaterslebener Leibniz-Institut öffnet wieder

seine Labore und Gewächshäuser (Dr. S. Odparlik).

8. Juni 2015
Mitteldeutsche Zeitung,
Aschersleben: *Kleider aus Milch*. Das Pflanzeninstitut in Gatersleben zeigt Besuchern, welche Früchte seine Forschung trägt und warum rotes Brot gesund sein kann (Dr. M.L. Graichen).
19. Juni 2015
Bayerisches Fernsehen,
ARD alpha: *Essen der Zukunft* (Faszination Wissen) (Priv.-Doz. Dr. A. Börner).
17. Oktober 2015
ARD, W wie WISSEN:
Querbeet in die Zukunft,
Dreharbeiten dafür aus dem IPK (A. Mesecke).
16. November 2015
3Sat, nano: *Genome Editing*,
Dreharbeiten dafür aus dem IPK (A. Mesecke).
17. November
Arte-Wissenschaftssendung,
X:enius: *Ackerbau anders denken*, Dreharbeiten dafür aus dem IPK (A. Mesecke).
18. Dezember 2015
Mitteldeutsche Zeitung,
Aschersleben: *Millionen-Preis für Forscher aus Gatersleben* (Dr. S. Odparlik).

Messen und Ausstellungen/Fairs and Exhibitions

2014

1. bis 4. April 2014
Mitarbeiter der Arbeitsgruppe Hefegenetik des IPK beteiligten sich an der internationalen Leitmesse für Labortechnik, Analytik und Biotechnologie (ANALYTICA) in München. Sie waren mit dem Exponat *Biosensoren in der Umweltanalytik und medizinischen Diagnostik* auf dem Gemeinschaftsstand *Forschung für die Zukunft* der Bundesländer Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen vertreten (Dr. M. Giersberg, A. Chamas).
22. Mai 2014
Die Messe *science meets*

companies, eine Mitteldeutsche Stipendien- und Karrieremesse der Agrar-, Ernährungs- und Naturwissenschaften fand im Biozentrum der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg statt. Auch das IPK beteiligte sich mit Informationsständen an der Ausstellung und wurde durch zwei Mitglieder des PostDoc Boards vertreten (Dr. G. Hensel, Dr. D. Nowara).

31. August 2014
Das IPK präsentierte sich mit den Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimenten auf der Ausstellung BioErleben 2014 in Warnemünde. Die Ausstellung wurde von über 25.000 Gästen besucht (U. Behrendt).
11. bis 14. September 2014
Mitarbeiter der Teilsammlungen Nord nahmen an der Mecklenburger Landwirtschaftsausstellung (MeLa) teil und präsentierten sich auf dem Gemeinschaftsstand des Rates für Agrarwissenschaften Mecklenburg-Vorpommern mit der Ausstellung *Teilsammlungen Nord der IPK-Genbank* (U. Behrendt, Dr. K.J. Dehmer, K. Göhrke, S. Nehrlich, K. Ploen, R. Rudloff, E. Willner).
24. bis 26. November 2014
Das IPK beteiligte sich im Rahmen des *Bremer Forums für Wissenschaftsjournalismus* an einem gemeinsamen Stand der Leibniz-Gemeinschaft und des WissenschaftsCampus Halle. Die Messe fand in Magdeburg statt und bot Besuchern die Möglichkeit, sich über das IPK, seinen Standort, seine Forschungsthemen sowie aktuelle Ergebnisse zu informieren. In persönlichen Gesprächen konnten Wissenschaftsjournalisten im Rahmen des Messeangebots *Meet the Experts* etwas zum Thema *Pflanzenphänotypisierung – die Vermessung der Pflanze* und im Rahmen des Forums Junger Forscher zum Thema *Eisenaneignung in Arabidopsis thaliana* erfahren (Dr. K. Pistrick, Prof. Dr. T. Altmann, Dr. N. Schmidt).

2015

1. Mai bis 31. Oktober 2015
Am 1. Mai öffnete die Weltausstellung EXPO 2015 in Mailand ihre Tore. Unter dem Thema *Feeding the planet, energy for life* wurden den Besuchern aus aller Welt Lösungsansätze für die größer werdende Herausforderung der Welternährung präsentiert. Einen wichtigen Ansatz zur Sicherung der Ernährung der Zukunft hatte das IPK mit seiner bundeszentralen *exsitu*-Genbank für landwirtschaftliche und gartenbauliche Kulturpflanzen im deutschen Pavillon präsentiert (Priv.-Doz. Dr. A. Börner und Arbeitsgruppe).
7. Mai 2015
Das IPK beteiligte sich wieder an der *science meets companies*, die zum neunten Mal durchgeführt wurde und eine der größten Karrieremessen Mitteldeutschlands ist. Auf 600 m² Ausstellungsfläche konnte man mit Studenten aus allen agrar- und naturwissenschaftlichen Fachrichtungen in direkten Kontakt treten (W. Klaasen-van-Husen, Dr. G. Hensel).
16. Mai 2015
Präsentation der Malchower Ölpflanzen-Sortimente auf dem 7. Rapsblütenfest der Insel Poel mit einem Ausstellungsstand in Kirchdorf (V. Miehe, R. Rudloff, E. Willner).
29. Mai 2015
Präsentation der Malchower Öl- und Futterpflanzen-Sortimente auf dem Grünlandtag Mecklenburg-Vorpommerns (K. Ploen).
20. Juni 2015
Präsentation der Groß Lüsewitzer Kartoffel-Sortimente auf dem Tag der offenen Tür des Ministeriums für Landwirtschaft, Umwelt und Verbraucherschutz (LU) des Landes Mecklenburg-Vorpommern in Schwerin (U. Behrendt).
10. bis 13. September 2015
Mitarbeiter der Teilsammlungen Nord der IPK-Genbank präsentierten sich erneut auf dem Gemeinschaftsstand des Rates für Agrarwissenschaften Mecklenburg-Vorpommern

anlässlich der Mecklenburger Landwirtschaftsausstellung (MeLa). Es wurden etwa 70.000 Besucher gezählt (U. Behrendt, A. Bothe, Dr. J.K. Dehmer, K. Diekmann, K. Görke, K. Löschner, K. Ploen, E. Willner).

6. bis 8. Oktober 2015
Das Institut nahm wieder an der Biotechnica in Hannover teil. Mit einem Exponat *Hefen als Biokatalysatoren und Expressionsplattform* beteiligten sich Mitarbeiter der Arbeitsgruppe Hefegenetik an dem Gemeinschaftsstand der Hochschule Anhalt (Dr. M. Giersberg, F. Bischoff).

Gremien und Mitarbeiter/-innen in speziellen Funktionen/ IPK Boards and Employees with Special Dubies

Der Stiftungsrat überwacht die Geschäftsführung des Direktoriums, überprüft die Wirtschaftsführung, genehmigt die Jahresrechnung und erteilt Entlastung für das jeweils abgelaufene Haushaltsjahr.

The running of the Institute is overseen by a Governing Board, a Board of Directors, a Managing Office and a Scientific Advisory Board. The Genebank Advisory Board advises the Scientific Advisory Board in matters of specific concern to the Genebank.

Mitglieder des Stiftungsrats/ Members of the Governing Board:

MinRat Thomas Reitmann, MW LSA, Magdeburg (Vorsitz),
Dr. Henk van Liempt, BMBF, Bonn (stellv. Vorsitz bis Oktober 2015),
Dr. RegR Dr. Ramón Kucharzak, BMBF, Bonn (stellv. Vorsitz seit November 2015),
MinRat Dr. Hermann Stürmer, BMELV, Bonn,
Gisela Liepelt, MW LSA, Magdeburg,
Prof. Dr. Birgit Dräger, MLU Halle-Wittenberg (bis Februar 2015),
Prof. Dr. Olaf Christen, MLU Halle-Wittenberg (seit Dezember 2015),
Prof. Dr. Lothar Willmitzer, Potsdam-Golm,
Prof. Dr. Christian Jung, Kiel (Vorsitz Wissenschaftlicher Beirat),
Prof. Dr. Ralph Bock, Potsdam-Golm (stellv. Vorsitz Wissenschaftlicher Beirat).

Das Direktorium ist ein Kollegialorgan, zusammengesetzt aus den Leitern der wissenschaftlichen Abteilungen und dem Administrativen Leiter. Der Stiftungsrat bestellt einen der wissenschaftlichen Abteilungsleiter für drei Jahre zum Geschäftsführenden Direktor.

Der Geschäftsführende Direktor und der Administrative Leiter bilden gemeinsam die Geschäftsführung des IPK, die die Stiftung nach Maßgabe der Geschäftsordnung gerichtlich und außergerichtlich vertritt.

Das Direktorium:

Prof. Dr. Andreas Graner, Geschäftsführender Direktor und Leiter der Abteilung Genbank,
Sybille-Andrea Lorenz, Administrative Leiterin und Leiterin der Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste (bis Juni 2014),
Martina Liewald, kommissarische Administrative Leiterin und Leiterin der Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste (bis Dezember 2014),
Dr. Johannes Heilmann, Administrativer Leiter und Leiter der Abteilung Verwaltung und Zentrale Dienste (seit Januar 2015),
Prof. Dr. Jochen C. Reif, Leiter der Abteilung Cytogenetik und Genomanalyse bzw. Züchtungsforschung (zum 1. September 2015 umbenannt),
Prof. Dr. Thomas Altmann, Leiter der Abteilung Molekulare Genetik,
Prof. Dr. Nicolaus von Wirén, Leiter der Abteilung Physiologie und Zellbiologie.

Der Wissenschaftliche Beirat berät den Stiftungsrat und das Direktorium in wissenschaftlichen und technischen Fragen. Er ist verantwortlich für die Bewertung der wissenschaftlich-technischen Arbeiten und fördert die Verbindung mit Einrichtungen des In- und Auslandes.

Mitglieder des Wissenschaftlichen Beirats:

Prof. Dr. Christian Jung, Kiel (Vorsitz),
Prof. Dr. Ralph Bock, Potsdam-Golm (stellv. Vorsitz),
Dir. und Prof. Dr. Frank Ordon, Quedlinburg (Vorsitz Genbank-Beirat),
Dr. Rolf Appweiler, Hinxtan,
Prof. Dr. George Coupland, Köln (bis Oktober 2015),

Prof. Dr. Marcus Koch, Heidelberg,
a. o. Univ. Prof. Dr. Josef Loidl, Wien,
Dr. Michael Metzlaß, Leverkusen,
Prof. Dr. Dierk Scheel, Halle,
Prof. Dr. Dietmar Schomburg, Braunschweig,
Prof. Dr. Chris-Carolin Schön, München.

Der Wissenschaftliche Beirat wird durch einen Genbank-Beirat unterstützt, der den Stiftungsrat und das Direktorium in Abstimmung mit dem Wissenschaftlichen Beirat in allen Fragen der Genbankarbeit berät. Den Vorsitz des Genbank-Beirats hat ein Mitglied des Wissenschaftlichen Beirats inne.

Mitglieder des Genbank-Beirats:

Dir. und Prof. Dr. Frank Ordon, Quedlinburg (Vorsitz),
Prof. Dr. Heiko Becker, Göttingen,
Prof. Dr. Jean Christophe Glaszmann, (Montpellier, Frankreich, seit Januar 2015),
Dr. Bert Visser, Wageningen,
Dr. habil. Hans Günter Welz, Wolfenbüttel,
Prof. Dr. Sabine Zachgo, Osnabrück.

Mitglieder des IPK-Personalrats:

Thomas Kruse (Vorsitzender),
Sibylle Pistrick (1. Stellvertreterin),
Frank Schröder (2. Stellvertreter),
Kathrin Gramel-Eikenroth,
Steffen König,
Melanie Ruff,
Birgit Schäfer,
Nicole Wahle,
Evelyn Willner, Teilsammlungen Nord, Malchow,
Dagmar Böhmert (Ersatzmitglied),
Ute Riedel (Ersatzmitglied).

Mitarbeiter/-innen des IPK in speziellen Funktionen:

Dr. Ulrike Lohwasser (Qualitätsmanagement-Beauftragte),
Thomas Lüttge (Qualitäts-Beauftragter für die Abteilung VZD),
Dr. Winfriede Weschke und Dr. Jochen Kumlehn (Beauftragte für Biologische Sicherheit),
Dr. Hans-Peter Mock (Beauftragter für Betäubungsmittel und Gefahrenstoffe),
Prof. Dr. Andreas Graner (Beauftragter für Strahlenschutz),
Dr. Helmut Bäumlein (Ombudsmann),
Thorsten Uhl (Beauftragter für Datenschutz),
Dr. Rhonda Meyer (Gleichstellungsbeauftragte),
Klaus Engelmann (Fachkraft für Arbeitssicherheit, Risikomanagement-Beauftragter),
Steffen König (Schwerbehindertenbeauftragter),
Peter Schreiber (Beauftragter für Havarie- und Katastrophenschutz),
Carmen Höpfner (Beauftragte für Lehrausbildung).

Mitglieder des Postdoc Board:

Dr. Astrid Junker (Vorsitzende)
Dr. Markus Kuhlmann (stellvertr. Vorsitzender)
Dr. Andrea Matros
Dr. Daniela Nowara
Dr. Götz Hensel
Dr. Manuela Nagel
Dr. Christine Zanke

Mitglieder des Student Board:

Arvid Diehn (Vorsitz)
Lala Aliyeva-Schnorr
Diana Gierth
Alexander Hilo
Markus Meier
Albert Wilhelm Schulthess
Johanna Stock

IPK
GÄTTERSLEBEN

As of 31 December 2015



Coordinator Biodiversity Informatics: Dr. Uwe Scholz
Coordinator Systems Analysis and Modelling: Dr. Andrea Bräutigam

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Stiftung des öffentlichen Rechts
Corrensstraße 3
D-06466 Seeland (OT Gatersleben)

