



Institut für Pflanzenbiochemie, Halle (Saale)
ein Leibniz-Institut

Jahresbericht 2002

Weinberg 3
06120 Halle (Saale)
Deutschland
Tel.: (03 45) 55 82 - 0
Fax: (03 45) - 55 82 10 09
www.ipb-halle.de

Inhalt

Vorstellung des Instituts	4
Forschungsprofil des IPB.....	4
Entwicklung des Instituts im Jahre 2002	6
ORGANE DES INSTITUTS.....	8
DIREKTORIUM IN SEINER ZUSAMMENSETZUNG AM 31. 12. 2002	8
DER STIFTUNGSRAT	8
DER WISSENSCHAFTLICHE BEIRAT (STAND VOM 31. 12. 2002)	9
DER WISSENSCHAFTLICHE INSTITUTSRAT	9
MITARBEITER DES IPB IN SPEZIELLEN FUNKTIONEN	10
MITGLIEDER DES PERSONALRATS.....	10
ABTEILUNGSSTRUKTUR DES IPB.....	11
Abteilung Naturstoff-Biotechnologie	13
ALKALOID-BIOSYNTHESE.....	14
SCHLAFMOHN-BIOTECHNOLOGIE	15
PFLANZLICHE ZELLKULTUREN.....	16
FUNCTIONAL GENOMICS	17
JASMONATWIRKUNGSWEISE	18
PAPAVER-GENEXPRESSIONSANALYSE.....	19
PUBLIKATIONEN	20
BÜCHER UND BUCHKAPITEL.....	21
PUBLIKATIONEN IM DRUCK.....	21
BÜCHER UND BUCHKAPITEL IM DRUCK	22
Abteilungsübergreifendes Projekt NWC-NBT: Sekundärmetabolismus in Hopfen (<i>Humulus</i>).....	23
Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie	25
SYNTHESE UND METHODENENTWICKLUNG.....	26
BIOKATALYSE UND LIGANDENDESIGN.....	27
PFLANZEN- UND PILZINHALTSSTOFFE / MIKROANALYTIK.....	28
STRUKTURANALYTIK UND COMPUTERCHEMIE	29
PUBLIKATIONEN	30
PUBLIKATIONEN IM DRUCK.....	32
Abteilungsübergreifendes Projekt: GABI	33
Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie.....	35
SIGNALERKENNUNG IN PFLANZE-PATHOGEN INTERAKTIONEN	36
ZELLULÄRE SIGNALTRANSDUKTION	37
INDUZIERTER PATHOGENABWEHR.....	38
METALLHOMÖOSTASE.....	39
PUBLIKATIONEN	40
BÜCHER UND BUCHKAPITEL.....	41
BÜCHER UND BUCHKAPITEL IM DRUCK	42
Abteilung Sekundärstoffwechsel	43
MOLEKULARE PHYSIOLOGIE DER MYKORRHIZA.....	44
ZELLBIOLOGIE DER MYKORRHIZA	45
BIOCHEMIE DER MYKORRHIZA	46
GLYCOSYLTRANSFERASEN	47

HYDROXYZIMTSÄUREN	48
PUBLIKATIONEN	49
PUBLIKATIONEN IM DRUCK	50
BÜCHER UND BUCHKAPITEL IM DRUCK.....	50
Wissenstransfer aus Denkkzellen und Laboren.....	51
„ANALYTICA 2002“ IM APRIL	51
WISSEN FÜR LEHRER IM MAI	51
ZEHN JAHRE IPB – RÜCKBLICK, VORSCHAU UND GRUND ZUM FEIERN.....	51
UNIVERSITÄTSSTADTFEST IM JUNI	52
EHRUNG VON PROFESSOR BENNO PARTHIER IM AUGUST	52
OBERBÜRGERMEISTERIN INGRID HÄUBLER BESUCHT DAS IPB	52
LANGE NACHT DER WISSENSCHAFTEN IM SEPTEMBER	52
VORSTELLUNG DER WGL IN BRÜSSEL.....	52
EHRUNG VON PROFESSOR GÜNTER ADAM IM DEZEMBER	53
SCHÜLERFÜHRUNGEN UND SCHÜLERPRAKTIKA.....	53
PRESSEMITTEILUNGEN	53
Übersicht Haushalts- und Drittmittel 2002.....	55
DRITTMITTELEINSATZ (STAND 31.12.2002).....	56
STELLENPLAN 2002.....	59
SCHEMATISCHE DARSTELLUNG DES HAUSHALTES	60
BESCHÄFTIGUNGSGRUPPEN UND FINANZIERUNGSGRUNDLAGE	60
GASTWISSENSCHAFTLER	61
Impressum	63

Vorstellung des Instituts

Das Institut für Pflanzenbiochemie in Halle wurde am 01.01.1992 als außeruniversitäres Forschungsinstitut der sogenannten „Blauen Liste“ gegründet. Aus dem Zusammenschluss der „Blaue-Liste-Institute“ entstand 1995 die „Wissenschaftsgemeinschaft Blaue Liste“, die sich im Oktober 1997 in „Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL)“ umbenannt und umorganisiert hat. Das IPB gehört zur Sektion Lebenswissenschaften der WGL. Das Vorläuferinstitut wurde am 01.01.1958 von Prof. Dr. Dr. h.c. mult. Kurt Mothes im Auftrag der Deutschen Akademie der Wissenschaften zu Berlin als Arbeitsstelle für Biochemie der Pflanzen gegründet.

Das IPB besteht aus vier wissenschaftlichen Abteilungen und der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik, in denen 112 Mitarbeiter aus Haushaltsmitteln und weitere 47 über Drittmittelfinanzierung beschäftigt wurden. Das Forschungsprofil des Institutes weist unverwechselbare Züge in der deutschen Wissenschaftslandschaft auf. Im Mittelpunkt der Forschungsaktivitäten steht die umfassende Analyse pflanzlicher und pilzlicher Naturstoffe, die Untersuchung der Wechselwirkung von Pflanzen mit Pathogenen, Symbionten und abiotischen Stressoren und das Studium molekularer Interaktionen als Teil komplexer biologischer Prozesse. Dabei wird eine exzellente Grundlagenforschung als unabdingbare Basis für anwendungsorientierte Forschungsprojekte betrachtet.

Forschungsprofil des IPB

Vier thematisch, methodisch und organisatorisch vernetzte Schwerpunkte bilden die Grundlage des Forschungskonzepts des Instituts für Pflanzenbiochemie: pflanzliche Naturstoffe, molekulare Interaktionen, Informatik und metabolic engineering.

Die große Vielfalt pflanzlicher Organismen findet einen Ausdruck in der enormen Diversität ihrer Naturstoffe. Diese erhält eine zusätzliche Dimension durch die Veränderung des Musters der Naturstoffe im Laufe der pflanzlichen Entwicklung sowie während der Anpassung an Umwelt- und Standortbedingungen. Die Kenntnis von Struktur und Funktion der Naturstoffe ist Voraussetzung für das Verständnis pflanzlicher Diversität sowie von Entwicklungs- und Adaptationsprozessen und eröffnet neue Ressourcen für eine innovative Nutzung in Pflanzenproduktion, Pflanzenschutz, Biotechnologie und Wirkstoffentwicklung. Mit der fortschreitenden Aufklärung von Genomsequenzen und der zunehmenden Zahl bekannter Transkriptsequenzen (expressed sequence tags) erhalten diese Erkenntnisse eine fundamentale Bedeutung bei der funktionalen Genomanalyse.

Die umfassende Analyse pflanzlicher und pilzlicher **Naturstoffe** ist ein Schwerpunkt im Forschungskonzept des Instituts für Pflanzenbiochemie. Die Struktur-aufklärung, Synthese und Derivatisierung der Naturstoffe liefert einen wichtigen Beitrag zur Aufklärung ihrer Funktion und zur Erhöhung ihrer Diversität. Dies bildet die Grundlage zur Untersuchung ihrer Biosynthese und der Entdeckung neuer Wirkstoffe. Zur qualitativen und quantitativen Erfassung von Naturstoffen

im biologischen Material werden analytische Verfahren entwickelt. Die Identifizierung und Isolierung von Enzymen erlaubt den Zugang zu den entsprechenden Genen und damit zum Studium der Regulation der Biosynthesewege und der Organisation ihrer Komponenten. Der Einsatz von Mutanten und transgenen Pflanzen ermöglicht die Analyse der biologischen Funktion und die Erzeugung von Pflanzen mit verändertem Naturstoffprofil.

Molekulare Interaktionen bilden die Grundlage aller zellulären Funktionen. Ihre interdisziplinäre Analyse ist deshalb von zentraler Bedeutung im Forschungskonzept des Instituts für Pflanzenbiochemie. Die optimale Adaptation von Pflanzen an die jeweiligen Umwelt- und Standortbedingungen beruht auf rezeptorvermittelter Perzeption biotischer und abiotischer Umweltparameter. Über zelluläre und systemische Signaltransduktions-Netzwerke werden die Eingangssignale evaluiert, abgeglichen und mittels veränderter Genexpressionsmuster in entsprechende physiologische Reaktionen umgewandelt. Rezeptor/Ligand-, Enzym/Ligand- und Protein/Protein-Interaktionen bilden die molekulare Grundlage für diese Prozesse und deren Anwendung in der Wirkstoffforschung. Unter diesem Aspekt werden die Mechanismen interorganismischer Kommunikation zwischen Pflanzen und Symbionten sowie Pathogenen untersucht und die Organisation von Biosynthesewegen und Signaltransduktionsketten analysiert. Die chemische Struktur miteinander in Wechselwirkung tretender Moleküle soll durch gentechnische Verfahren, gerichtete Evolution und chemische Derivatisierung modifiziert werden, so dass die Effekte der Veränderung an geeigneten Modellen oder in Screeningverfahren untersucht werden können und schließlich Moleküle mit den gewünschten Eigenschaften (z. B. Wirkstoffe, Signalsubstanzen, Enzyme) selektiert werden. Die Grundlage dafür bildet die Entwicklung neuer Synthese- und Selektionsprozesse sowie geeigneter Assay- und Analytikverfahren unterstützt durch die Visualisierung der Wechselwirkung mittels Modelling.

Die Speicherung, Auswertung und Verknüpfung der in den beiden Schwerpunkten Naturstoffe und molekulare Interaktionen generierten Daten ist nur mittels Bio- und Chemoinformatik möglich. Insbesondere die im Hochdurchsatzverfahren betriebenen Metabolom- und Proteomanalysen und die kombinatorischen Bibliotheken erfordern dringend die Entwicklung neuer Methoden der Datenauswertung, -verarbeitung und -verknüpfung. Am Institut für Pflanzenbiochemie wird deshalb eine Nachwuchsgruppe Bioinformatik etabliert, die sich im wesentlichen dieser Problematik widmen wird. Zusammen mit der im Aufbau befindlichen Gruppe Chemoinformatik und Modelling entsteht damit ein neuer Forschungsschwerpunkt **Informatik**.

Die im Rahmen der Grundlagenforschung der drei Schwerpunkte Naturstoffe, molekulare Interaktionen und Informatik gewonnenen Ergebnisse und Materialien werden im Forschungsschwerpunkt **metabolic engineering** zur Erzeugung von Modellpflanzen eingesetzt, die in verschiedensten Anwendungsbereichen von Nutzen sein könnten. Aufgrund der thematischen Orientierung der Forschung wird es sich dabei um Designerpflanzen mit verändertem Naturstoffprofil, neuen gesundheitsrelevanten Inhaltsstoffen oder verbesserter Anpassung an bestimmte Standorte und Umweltsituationen handeln. Solche Pflanzen dürften für die nachhaltige Produktion wertvoller Substanzen und Biokatalysatoren, als biologische Testsysteme und für die Züchtung von Bedeutung sein.

In vier Abteilungen mit unterschiedlicher, sich ideal ergänzender fachlicher Ausrichtung und apparativer Ausstattung ergeben sich im Institut für Pflanzenbiochemie hervorragende Voraussetzungen, diese Schwerpunkte im Rahmen einer multidisziplinären Forschungsstrategie mit chemischen, physiologischen, zellbiologischen, biochemischen, molekularbiologischen und genetischen Methoden zu bearbeiten. Die Analyse solch zentraler Themen der modernen Pflanzenbiologie und -chemie mit dieser methodischen Vielfalt ermöglicht die Aufklärung komplexer Zusammenhänge der pflanzlichen Entwicklung und Diversität, die mit fachspezifisch begrenzter Betrachtungsweise nicht erhalten werden können. Die Übertragung der Ergebnisse in anwendungsorientierte Zusammenhänge macht sie zudem einer ökologisch verträglichen biotechnologischen Nutzung zugänglich.

Entwicklung des Instituts im Jahre 2002

Die erfolgreiche wissenschaftliche Tätigkeit drückt sich in der Quantität, vor allem aber in der Qualität der aus dem IPB hervorgegangenen Publikationen aus. Dabei ist die gestiegene Anzahl von abteilungsübergreifenden Publikationen ein Anzeichen zunehmender Kooperationen zwischen den verschiedenen Forschungsbereichen. Darüber hinaus belegt die weiterhin erfolgreiche Einwerbung von Drittmitteln den hohen Standard der am IPB betriebenen Forschung. Die im Jahr 2002 eingeworbene Summe von über 2,5 Millionen EURO verteilt sich auf Projekte, die von der DFG, der EU, dem BMBF und der Industrie gefördert werden. So waren im Jahre 2002 Wissenschaftler des IPB an drei DFG-Schwerpunktprogrammen beteiligt, von denen eines (Evolution metabolischer Diversität) aus dem Institut heraus initiiert und koordiniert wird. Darüber hinaus ist das IPB am „Arabidopsis Functional Genomics Network“ der DFG, am nationalen pflanzlichen Genomprojekt „GABI“ des BMBF und an vier Projekten im 5. Rahmenprogramm der EU beteiligt.

Im Rahmen des vom BMBF finanzierten Bioinformatik-Centers Gatersleben-Halle (BIC-GH) startete am 01. November die Nachwuchsgruppe „Bioinformatik und Massenspektrometrie“ am IPB. Diese insgesamt aus fünf Nachwuchsgruppen und einem Aufbaustudiengang Bioinformatik bestehende Initiative stellt eine weitere Komponente der intensiven Kooperation des IPB mit der Martin-Luther-Universität und dem Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben dar. Für die Studenten des Aufbaustudienganges veranstaltete das IPB ein Praktikum. Mehrere Arbeitsgruppen des IPB sind am SFB 363 und an einem Graduierten-Kolleg beteiligt. Die wissenschaftlichen Abteilungsleiter und mehrere wissenschaftliche Mitarbeiter nahmen an der Lehre der Fachbereiche Biologie, Biochemie, Chemie und Pharmazie teil. Zusätzlich beteiligten sich Mitarbeiter des IPB an Lehrveranstaltungen der Leipziger Universität und der Köthener Fachhochschule. Biotechnologiestudenten aus Köthen absolvierten Praktika am IPB.

Vom 02. bis 04. Juli veranstaltete das IPB gemeinsam mit dem IPK Gatersleben und den Max-Planck-Instituten für chemische Ökologie Jena und für molekulare Pflanzenphysiologie Golm den zweiten PlantMetaNet-Workshop in der Leucorea in Wittenberg. Als vorrangige Aufgabe des Netzwerkes wurde die Etablierung gemeinsamer Datenbanken definiert. Ebenfalls in der Leucorea fand Ende

Oktober die zweitägige Institutstagung statt. Diese inzwischen zur Tradition gewordene Veranstaltung ermöglichte den Wissenschaftlern aller vier Abteilungen des IPB die ausführliche Diskussion ihrer Projekte und die Vorbereitung neuer Kooperationen.

Eine wesentliche Verbesserung der Infrastruktur des IPB ergab sich Anfang des Jahres durch die Fertigstellung des Gebäudekomplexes A mit neuen Räumlichkeiten für die Abteilung Sekundärstoffwechsel und die Verwaltung. Damit verfügen nun alle Abteilungen des Instituts über renovierte Laboratorien und Räumlichkeiten. Zum Jahresende begannen schließlich die Bauarbeiten zum Neubau des Funktionalgebäudes, in dem vornehmlich analytische Großgeräte untergebracht werden sollen.

Am 11. und 12. Oktober fand unter der Leitung von Prof. Wilhelm Boland die 11. Sitzung des Wissenschaftlichen Beirats im IPB statt, die in diesem Jahr mit einer Begehung der wissenschaftlichen Abteilungen verbunden war. Der Beirat bestätigte dem Institut einen ausgezeichneten Gesamteindruck der wissenschaftlichen Aktivitäten, die den hervorragenden nationalen und internationalen Ruf des IPB begründen. Der Beirat wählte Prof. Wilhelm Boland zum Vorsitzenden und Prof. Alfons Gierl zu seinem Stellvertreter.

Unter dem Vorsitz von Ministerialrat Thomas Reitman fand am 22. November die 11. Sitzung des Stiftungsrates im IPB statt. Der Stiftungsrat schloss sich der positiven Bewertung der Arbeit des IPB durch den Wissenschaftlichen Beirat an.

Organe des Instituts

Das Direktorium ist als Kollegialorgan aus den Leitern der wissenschaftlichen Abteilungen und dem Administrativen Leiter des IPB zusammengesetzt. Der Stiftungsrat bestellt einen der wissenschaftlichen Leiter in der Regel für fünf Jahre zum Geschäftsführenden Direktor, der gemeinsam mit dem Administrativen Leiter die Geschäftsführung des Instituts bildet. Sie vertritt die Stiftung gerichtlich und außergerichtlich.

Direktorium in seiner Zusammensetzung am 31. 12. 2002

Prof. Dierk Scheel	Geschäftsführender Direktor, Leiter der Abteilung „Stress- und Entwicklungsbiologie“
Lothar Franzen	Leiter der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik
Prof. Toni M. Kutchan	Leiterin der Abteilung „Naturstoff-Biotechnologie“
Prof. Dieter Strack	Leiter der Abteilung „Sekundärstoffwechsel“
Prof. Ludger Wessjohann	Leiter der Abteilung „Natur- und Wirkstoffchemie“

Der Stiftungsrat

kontrolliert die Geschäftsführung, prüft die Wirtschaftsführung, genehmigt die Jahresrechnung und erteilt die Entlastung für das vorangegangene Geschäftsjahr.

Ministerialrat Thomas Reitmann	Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt, Vorsitzender
N. N.	Bundesministerium für Bildung und Forschung, Stellvertretender Vorsitzender
Prof. Wilhelm Boland	Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena, Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirats
Prof. Alfons Gierl	Technische Universität München, Stellvertretender Vorsitzender des Wissen- schaftlichen Beirats
Prof. Reinhard Neubert	Prorektor für Forschung und wissenschaftlichen Nachwuchs der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Dr. Wolfgang Rechner	Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt
Prof. Jörg Stetter	Bayer AG, Leverkusen
Dr. Hans-Jürgen Strunck	Bundesministerium für Bildung und Forschung

Der Wissenschaftliche Beirat (Stand vom 31. 12. 2002)

berät den Stiftungsrat und das Direktorium in wissenschaftlichen und technischen Fragen. Der Stiftungsrat ernennt die Mitglieder des Wissenschaftlichen Beirates. Mitglieder sind:

Prof. Wilhelm Boland	Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena, Vorsitzender
Prof. Alfons Gierl	Technische Universität München, Stellvertretender Vorsitzender
Prof. Thomas Boller	Botanisches Institut, Universität Basel
Prof. Horst Kunz	Institut für Organische Chemie, Johannes-Gutenberg-Universität, Mainz
Prof. Birger Lindberg Møller	Universität Kopenhagen, Dänemark
PD Dr. habil. Günter Strittmatter	Kleinwanzlebener Saatzucht AG (KWS), Einbeck
Prof. Lutz F. Tietze	Institut für Organische Chemie, Universität Göttingen
Prof. Lothar Willmitzer	Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie Potsdam-Golm
Prof. Ulrich Wobus	Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben

Der Wissenschaftliche Institutsrat

berät das Direktorium und den Stiftungsrat in fachlichen Angelegenheiten und vertritt zugleich die wissenschaftlichen Mitarbeiter des IPB. Er setzte sich 2002 wie folgt zusammen:

Dr. Jürgen Schmidt	Abt. „Natur- u. Wirkstoffchemie“, Vorsitzender
Dr. Otto Miersch	Abt. „Naturstoff-Biotechnologie“, Stellvertretender Vorsitzender
Dr. Bettina Hause	Abt. „Sekundärstoffwechsel“
Dr. Dieter Neumann	Abt. „Stress- u. Entwicklungsbiologie“
Dr. Thorsten Nürnberger	Abt. „Stress- u. Entwicklungsbiologie“
Dr. Thomas Vogt	Abt. „Sekundärstoffwechsel“
Dr. Brunhilde Voigt	Abt. „Natur- u. Wirkstoffchemie“
Dr. Michael H. Walter	Abt. „Sekundärstoffwechsel“

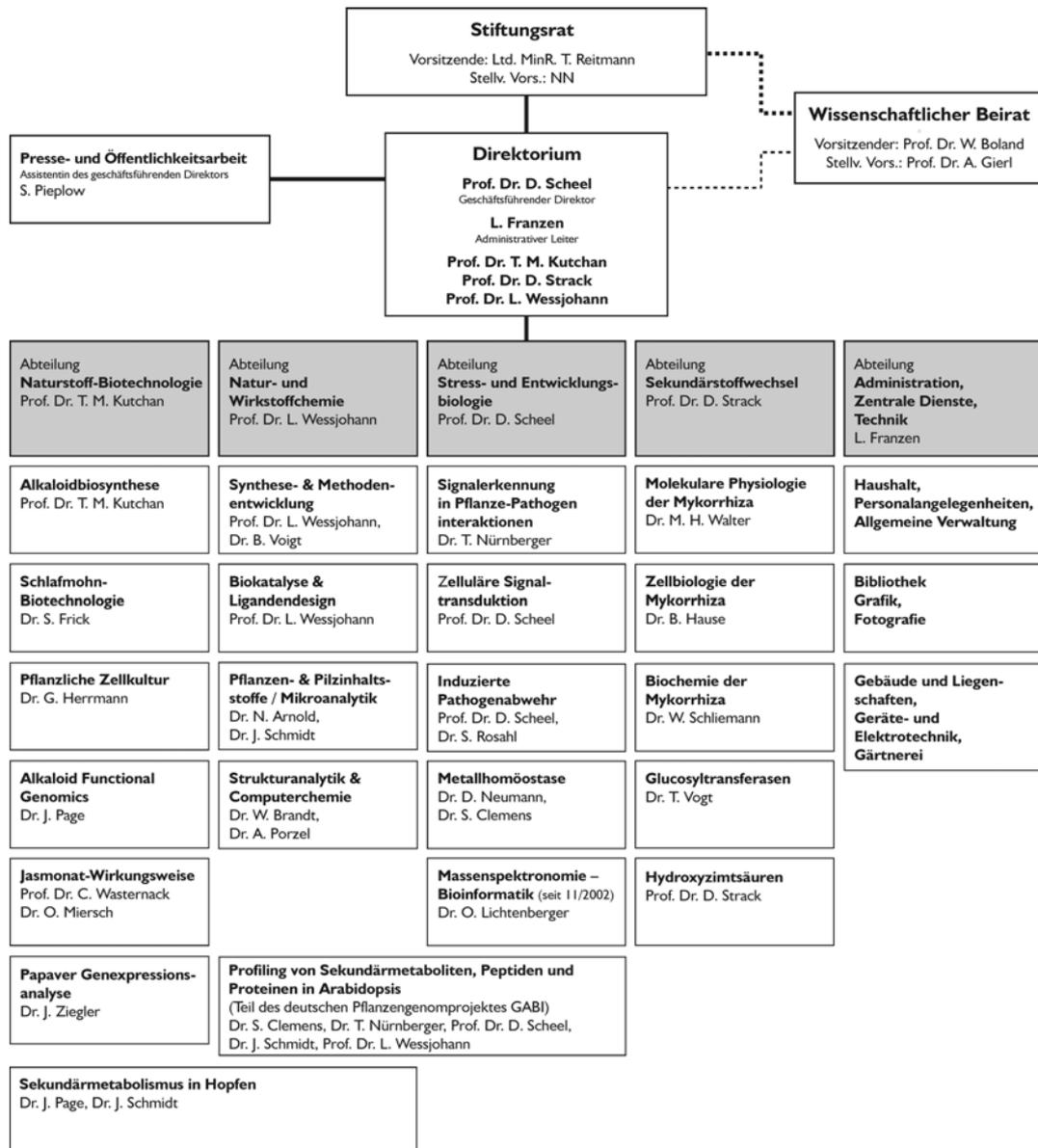
Mitarbeiter des IPB in speziellen Funktionen

Arbeitssicherheit	Dr. Hans-Jürgen Steudte, Sicherheitsingenieur
Biologische Sicherheit	Dr. Sabine Rosahl
Datenschutz	Dr. Willibald Schliemann
Energie	Hans-Günter König
Gleichstellungsbeauftragte	Kerstin Manke
Presse- und Öffentlichkeitsarbeit	Sylvia Pieplow
Projektleiter GenTG	Prof. Dierk Scheel, Prof. Claus Wasternack
Schwerbehinderten Beauftragte	Dr. Gabriele Herrmann
Strahlenschutz	Dr. Robert Kramell, Dr. Thorsten Nürnberger
Sicherheitsbeauftragte	Dr. Brunhilde Voigt Eberhard Warkus

Mitglieder des Personalrats

Vorsitzende	Andrea Piskol
Stellvertretender Vorsitzender	Peter Schneider
Weitere Mitglieder	Dr. Susanne Frick Martina Lerbs Angelika Weinel

Abteilungsstruktur des IPB



Abteilung Naturstoff-Biotechnologie

Das Forschungsthema der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie ist die Molekulargenetik von Naturstoffbiosynthesen in Arzneipflanzen. Dafür besitzt das IPB eine Zellkultursammlung (ca. 250 Arten) und eine Arzneipflanzensammlung. Im Mittelpunkt der Arbeiten stehen Alkaloide und ihr Stoffwechsel. Diese stickstoffhaltigen, zumeist heterozyklischen Verbindungen haben nicht nur als Arzneimittel pharmazeutische Bedeutung erlangt. Auch aus toxikologischer Sicht sind sie überaus interessant, gehören doch die potentesten natürlichen Giftstoffe gerade zu dieser Substanzklasse. In den meisten Fällen werden auch heute noch die in Arzneipflanzen enthaltenen Alkaloide aus Pflanzen isoliert. Der Grund dafür liegt in ihren teilweise überaus komplizierten Strukturen, die nicht chemisch synthetisierbar oder wirtschaftlich nur unrentabel zu erhalten sind.

Für die Aufklärung dieser Biosynthesewege verfügt unsere Abteilung über ein breites Spektrum an molekulargenetischen, analytisch/synthetischen und enzymologischen Methoden. Zusätzlich sollen ausgewählte Arzneipflanzen gentechnisch verändert werden, um Varietäten mit maßgeschneiderten Alkaloidprofilen für die Anwendung in Industrie und Forschung herzustellen. Forschungsschwerpunkte auf diesem Gebiet sind:

- Die Entwicklung eines Transformationssystems für Schlafmohn
- „Gene-Silencing“-Methoden mittels viraler Vektoren
- EST und Makroarray-Methoden

Die pflanzlichen Zellkulturen und Ganzpflanzensysteme werden darüber hinaus auch verwendet, um eine Analyse der Funktion von Jasmonaten und Octadecanoiden durchzuführen. Diese Stoffe dienen als Signalmoleküle pflanzlicher Entwicklungsprozesse und auch bei der Abwehr von Stress. Durch den Einsatz molekulargenetischer Methoden ist es gelungen, die Fähigkeit der Pflanze zur Jasmonatbildung zu erhöhen bzw. zu blockieren. Diese Veränderungen in der Expression der entsprechenden Jasmonat-Synthesegene erfolgen konstitutiv, induzierbar und gewebespezifisch. Damit erlaubt ihre Analyse auch Aussagen zur Funktion der genannten Signalmoleküle während Stressabwehr, Blütenentwicklung und Keimung der untersuchten Pflanzen. Die Forschungsergebnisse eröffnen auch für biotechnologische Anwendungen neue Perspektiven.

Alkaloid-Biosynthese

Gruppenleiterin: Toni M. Kutchan

Postdoktoranden: Kum-Boo Choi, Robert Kramell

Doktorand/Innen: Torsten Grothe, Tobias Kurz, Anan Ounarooon, Khaled Sabarna, Supachai Samppito, Marion Weid

Technische Assistentinnen: Monika Krohn, Birgit Ortel

Alkaloidhaltige Pflanzen sind ein Teil der ursprünglichen 'materia medica' der Menschheit. Eines der am meisten gebräuchlichen medizinischen Alkaloide ist das antitussiv und analgetisch wirksame Kodein aus dem Schlafmohn *Papaver somniferum* L. Diese Schlafmohnart produziert mehr als 80 verschiedene Alkaloide und ist damit gegenwärtig eine der wichtigsten erneuerbaren Ressourcen für pharmazeutische Alkaloide. Diese Wirkstoffe sind alle von der Aminosäure L-Tyrosin abgeleitet und besitzen das Tetrahydrobenzylisochinolin Alkaloid (S)-Retikulin als gemeinsames Intermediat. Neben dem narkotisch-analgetisch wirkenden Alkaloid Morphin bildet Schlafmohn auch das Benzo[c]phenanthridin Alkaloid Sanguinarin. Benzo[c]phenanthridine besitzen antimikrobielle Eigenschaften. Man hält sie für einen Teil des chemischen Abwehrsystems von Schlafmohn.

Das Ziel der Arbeitsgruppe ist es, die Alkaloidbiosynthese und ihre Regulation auf molekularbiologischer Ebene zu verstehen. Auf dem Gebiet der Isolation und funktionellen Expression von cDNA's, die für Enzyme der Morphin-, Sanguinarin- und Narkotinbiosynthese in Schlafmohn codieren, konnten wir unsere Arbeiten erfolgreich fortsetzen. So wurden eine Reihe weiterer wichtiger Gene isoliert. Dazu gehören Gene die für die Norcoclaurin-6-O-Methyltransferase, die (S)-N-Methylcoclaurin-3'-Hydroxylase und die Cytochrom P-450-Reduktase codieren. Die genannten Enzyme sind sowohl an der Sanguinarin- als auch an der Morphinbiosynthese beteiligt. Auch die Gene für das Berberinbrückenenzym (charakteristisch für die Sanguinarinbiosynthese), die Salutaridinol-7-O-Acetyltransferase und die Codein-Reduktase – beide spezifisch für die Morphinbiosynthese – konnten von uns isoliert werden. Desweiteren waren wir erfolgreich bei der Klonierung der codierenden Regionen für die Retikulin-7-O-Methyltransferase, welche vermutlich bei der Narkotinbiosynthese eine Rolle spielt.

Wir verwenden diese cDNAs, um *in situ* Hybridisierungsexperimente an Gewebeschnitten von Schlafmohn durchzuführen. Außerdem werden die einzelnen Enzyme in bakteriellen Systemen oder Insektenzellen heterolog exprimiert, aufgereinigt und als Antigene für die Produktion von Antikörpern eingesetzt. In einer Immunfärbung können wir mit Hilfe dieser Antikörper die entsprechenden Proteine in Gewebeschnitten von Schlafmohn lokalisieren. Die neu isolierten Klone sind zudem zur Transformation in Schlafmohn an die Arbeitsgruppe von Susanne Frick weitergegeben worden.

Schlafmohn-Biotechnologie

Gruppenleiterin: Susanne Frick

Doktorandin: Stefanie Haase

Diplomandin: Katja Kempe

Technische Assistentinnen: Kathleen Gutezeit, Anja Zeuner

Mit mehr als 80 verschiedenen Alkaloiden ist Schlafmohn (*Papaver somniferum* L.) nach wie vor eine der am wichtigsten industriell genutzten Arzneipflanzen. Der Schlafmohn ist eine erneuerbare Ressource für eine Vielzahl medizinisch relevanter Alkaloide, unter anderem das Analgetikum Morphin, das Antitussivum Codein, das Muskelrelaxans Papaverin, das Antitumor-Agens Noscapin und das antimikrobiell wirksame Sanguinarin. Mit unserem Transformationssystem wollen wir die Regulation und die ökologische Funktion dieser Benzylochinolin-Alkaloide untersuchen. Durch „metabolic engineering“ versuchen wir für die Pharmaindustrie den Gehalt an therapeutisch wichtigen Alkaloiden gezielt zu steigern. Alkaloidfreie Mohnsorten könnten von der Nahrungsmittelindustrie für die Produktion von Mohnöl verwendet werden.

Wir haben unter Verwendung agrobakterieller Shuttle-Vektoren verschiedene cDNAs, die für Enzyme der Morphin- und Sanguinarin-Biosynthese codieren, in sense und antisense-Orientierung in Schlafmohn transformiert. Während der letzten drei Jahre konnten wir durch somatische Embryogenese aus zwölf verschiedenen Zell-Linien, die sechs verschiedene cDNA-Konstrukte enthielten, 190 transgene T₀-Pflanzen regenerieren. 150 dieser transgenen T₀-Pflanzen besaßen keimfähige Samen. Die Samen von 17 weiteren Mohnpflanzen keimten nicht aus und 23 weitere Pflanzen bildeten überhaupt keine Samen. Von den 150 T₀-Pflanzen beinhalten 43 das „antisense“-Konstrukt des Berberinbrückenenzym. Wir konnten bisher zehn verschiedene T₁-Pflanzen kultivieren, die im Vergleich zum Wildtyp ein unterschiedliches Alkaloid-Muster besitzen. Eine dieser Pflanzen beinhaltet - neben den Hauptalkaloiden Morphin, Thebain und Codein - eine erhöhte Konzentration an Retikulin im Latex. Das im Wildtyp stets vorhandene Oripavin wurde in dieser Pflanze nicht detektiert. Das Muster dieses Alkaloidprofils konnte in den Nachkommen dieser Pflanze bestätigt werden. Damit war zum ersten Mal die Vererbbarkeit eines Alkaloid-Musters einer transgenen Mohnpflanze nachweisbar. Momentan führen wir die molekularbiologischen und chromatographischen Analysen der übrigen 107 transgenen T₀-Pflanzen sowie deren Nachkommen durch.

Da wir in unseren „antisense“-Zell-Linien keine vollständige Suppression der Benzylochinolin-Biosynthese beobachten konnten, konstruierten wir von allen Genen RNAi-Konstrukte und transformierten diese in Schlafmohn. Alle Kulturen haben begonnen, Kalli zu regenerieren. Seit letztem Jahr sind neue Gene aus der Benzylochinolin-Biosynthese verfügbar: die Norcoclaurin-6-O-Methyltransferase und die Retikulin-7-O-Methyltransferase. Beide cDNAs wurden in sense-Orientierung in Schlafmohn transformiert. Die Zellkulturen haben nach der Entwicklung von Kalli mit der Differenzierung begonnen.

Pflanzliche Zellkulturen

Gruppenleiterin: Gabriele Herrmann

Technische Assistentinnen: Domenika Arndt, Ingeborg Reeh

Die Hauptaufgabe unserer Arbeitsgruppe besteht in der Erhaltung und Fortführung der Zellkultursammlung der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie. Sie umfasst über 250 Pflanzenarten, die zu 45 unterschiedlichen Familien gehören und verschiedene geographische Verbreitungsgebiete haben. Mehr als 40 Zellkulturen wachsen in Form der sehr arbeitsaufwendigen Suspensionskulturen, alle anderen als Kalluskulturen.

Im Focus unserer wissenschaftlichen Arbeit steht das DFG-Projekt „Funktionsbestimmung von Genen in pflanzlichen Zellkulturen unter Verwendung viraler Vektoren“. Im Rahmen dieses Vorhabens suchen wir mit Hilfe von geeigneten Vektoren pflanzenpathogener DNA-Viren nach relevanten Genen und Regulationsmechanismen der Alkaloid-Biosynthese. Fernziel dieser funktionell genomischen Aufklärung ist die metabolische Veränderung von Arzneipflanzen oder deren Zellkulturen.

Voraussetzung für diese Arbeiten war die Auswahl geeigneter und interessanter Zellkulturen, der Test effizienter Methoden zur Protoplastengewinnung und anschließender Transfektion. Die Gewebekultur von *Eschscholzia californica*, die das unter UV- und Normallicht sichtbare Alkaloid Sanguinarin produziert, erwies sich für diese Voruntersuchungen als besonders geeignet. Die daraus isolierten Protoplasten sind von guter Qualität und hoher Lebensdauer. Der ursprünglich bestehende Plan zur Regenerierung infizierter Protoplasten musste wegen des enormen zeitlichen Aufwands verändert werden. Da wir nachweisen konnten, dass Protoplasten von *Eschscholzia californica* mindestens so gut elicitierbar sind wie die entsprechenden Suspensionen, können Veränderungen in der Alkaloid-Biosynthese bereits zwei Tage nach Elicitierung detektiert werden. Die Menge der hierfür benötigten Protoplasten ist leicht herstellbar.

Mit Hilfe von spektralfotometrischer Methoden bzw. HPLC konnte die Menge der Alkaloide in Protoplasten und Suspensionen näher bestimmt werden. Hauptalkaloide sind Sanguinarin, Chelirubin und Macarpin. Nach Elicitierung durch Jasmonsäure-Methylester oder Hefeelicitor erhöhte sich der Alkaloidgehalt der Protoplasten innerhalb von zwei Tagen um bis zu 250 %.

Inzwischen wurden mehrere virale Vektoren hinsichtlich ihrer Fähigkeit zur Transfektion von *Eschscholzia californica*-Protoplasten getestet. Dabei handelte es sich vor allem um TMV- und BYV-abgeleitete virale Vektoren, mit denen allerdings bisher eine Transfektion erfolglos blieb. Die wichtigste Aufgabe der nächsten Zeit ist deshalb die Suche nach weiteren Vektoren.

Functional Genomics

Gruppenleiter: Jonathan Page

Doktorandin: Ursula Schäfer

Technische Assistentinnen: Verona Dietl, Annegret Flier

Diplomanden: Nils Günnewich, Vincent Spelbos

Mit Hilfe der “functional genomic“ suchen wir nach Genen, die für Enzyme und Transkriptionsfaktoren von Naturstoffbiosynthesen codieren. Momentan werden drei verschiedene Projekte zur Entwicklung glandulärer Trichome bearbeitet: Wir verwenden Vektoren viralen Ursprungs, um damit die Expression der Gene, die in *Nicotiana benthamiana* am Alkaloidmetabolismus und an der Trichomentwicklung beteiligt sind, zu inhibieren. Mit einem EST-Projekt (expressed sequence tag) versuchen wir diejenigen Enzyme herauszufinden, die in *Cannabis sativa* (Hanf) die Synthese von Cannabinoiden und Terpenoiden katalysieren. Außerdem untersuchen wir in *Humulus lupulus* (Hopfen) Prenylierungsreaktionen.

Pflanzen antworten auf eine Virusinfektion mit dem Ausschalten viraler Gene. Durch das Klonieren von Pflanzengen in Viren können wir die Inaktivierung ihrer endogenen Partner in der Pflanze bewirken. Das Ziel unseres virusinduzierten Ausschaltens von Genen sind Transkriptionsfaktoren, die die Synthese von Metaboliten und deren Ansammlung in Trichomen von *Nicotiana benthamiana* kontrollieren. Trichome - Hauptbildungsort und Speicher von natürlichen Produkten – bedecken als harzige Haare Blätter und Blüten. In Solanaceen erreichen Viruskonstrukte auch die Trichome. Wir erstellen einen Katalog von MYB-Transkriptionsfaktoren aus den Trichomen von *N. benthamiana* und testen, welche Auswirkungen das Ausschalten dieser Regulationsproteine auf Metabolitgehalt und Morphologie der Trichome hat. Im Hinblick auf unser Ziel, die Alkaloid-Biosynthese mittels „Virus-induziertem gene silencing“ aufzuklären, konnten wir zwei Schlüsselenzyme der Nikotin-Biosynthese, die Putrescin-N-Methyltransferase und die Quinolin-Phosphoribosyltransferase, stilllegen. Die Blätter von transfizierten *N. benthamiana* Pflanzen zeigen eine 70 %ige Reduktion des Nikotingehalts im Vergleich zu Kontrollen.

Cannabis sativa (Hanf) und *Humulus lupulus* (Hopfen) akkumulieren in ihren glandulären Trichomen terpenophenolische Metabolite. Mit Hilfe biochemischer und genomischer Methoden wollen wir die Biosynthesewege, die zu den Cannabinoiden (in *C. sativa*) und Bitterstoffen (in *H. lupulus*) führen, aufklären. Aus den gereinigten Trichom-Drüsenzellen einer Cannabis-Varietät mit hohem Tetrahydrocannabinol-Gehalt haben wir eine Trichom-spezifische cDNA-Bibliothek hergestellt. Aus dieser Bibliothek wurden mehr als 1.200 ESTs sequenziert. Diesen Sequenzen konnten wir mittels bioinformatischen Methoden mögliche Genfunktionen zuweisen. Wir fahren damit fort, cDNAs, die für Enzyme von Interesse codieren, heterolog zu exprimieren und die Enzyme funktionell zu charakterisieren. Bei diesen Enzymen handelt es sich um Polyketid-Synthasen, Prenyltransferasen und Terpen-Cyclasen.

Jasmonatwirkungsweise

Gruppenleiter: Claus Wasternack, Otto Miersch

Postdoktorand/in: Helmut Maucher, Irene Stenzel

Doktorand/in: Carolin Delker, Tobias Kurz

Diplomandinnen: Lydia Müller, Jana Neumerkel

Technische Assistentinnen: Birgit Ortel, Carola Uhlig, Sabine Vorkefeld

Jasmonate (JA) sind Phytohormone, die für viele Pflanzen als Signal der Abwehr von biotischem und abiotischem Stress bekannt wurden. Die Analyse der Jasmonatwirkungsweise konzentriert sich mittels transgener Ansätze auf die Ausschaltung und Anschaltung der Jasmonatbiosynthese. Diese Jasmonatmodulation *in planta* wird konstitutiv, induziert und gewebsspezifisch durchgeführt. Objekte sind Tomate und Arabidopsis. Es wird eine mechanistische Analyse der Wirkungsweise von Jasmonat als Signal in pflanzlichen Abwehrreaktionen und Entwicklungsprozessen angestrebt.

Von den Enzymen der Jasmonatbiosynthese wurde besonders die Allenoxydase (AOC) bearbeitet. Nach Gewinnung transgener Tomatenpflanzen mit konstitutiver Überexpression und Repression des AOC-Gens wurde die Jasmonatbildung in den Leitbündeln nachgewiesen. Hier kann es nach Verwundung, z. B. durch Insektenfraß, zu einer Amplifikation in der Wundsignaltransduktion kommen. Daran sind Jasmonat und Systemin, ein Peptid und weiteres Wundsignal, beteiligt. Im Ergebnis dieser Amplifikation sollte die systemische Abwehrreaktion beschleunigt sein. Ein Metabolitprofiling in Tomatenorganen für Jasmonate und verwandte Verbindungen, den Oxylipinen als Primärprodukte der Lipidperoxidation (Koop. I. Feussner, Universität Göttingen) ergab organabhängige Unterschiede in Menge und Verhältnis für Blüten, Früchte, Keimlinge und Blätter der Tomate. Mittels transgener Ansätze unter Verwendung spezifischer Promotoren analysieren wir die Funktion dieser Verbindungsmuster. In einem parallelen Projekt wird die Regulation der AOC und Jasmonatbiosynthese in Arabidopsis untersucht. Hier kommen vier AOC-Gene vor. In transgenen Ansätzen mit AOC-Promoter-Reporter-, 35S::AOCsense/ antisense- und 35S::AOC-RNAi-Konstrukten wurden individuelle Funktionen dieser vier AOCs in der Blüten- und Keimlingsentwicklung nachgewiesen. Die Untersuchungen tragen zur mechanistischen Erklärung der Wirkungsweise des Stress- und Entwicklungssignals Jasmonat bei. Dabei werden Knockout-Mutanten der AOC1, AOC2, AOC3 und AOC4 charakterisiert und zusammen mit JA-Biosynthese-Mutanten zur Funktionsanalyse von Jasmonaten genutzt. In einem Projekt mit der Probiodrug GmbH wird nach pflanzlichen Homologen der Glutaminylcyclase gesucht. In den Arbeitsfeldern, „Tomate“ und „Arabidopsis“, gibt es nationale und internationale Kooperationen. Das langjährige Know-how der JA-Analytik der AG ist dabei gefragt. Hierzu wird die Charakterisierung der Jasmonate durch chemisch-synthetische Arbeiten vorangetrieben. Die Kombination molekularbiologischer Funktionsanalyse mit dem Know-how der JA-Analytik ist ein Charakteristikum der AG.

Papaver-Genexpressionsanalyse

Gruppenleiter: Jörg Ziegler

Doktorand: Andreas Gesell

Technische Assistentin: Silvia Wegener

Die Benzylisochinolin-Alkaloide weisen mit ca. 2.500 bekannten Strukturen eine große strukturelle Diversität auf, wie z. B. das Betäubungsmittel Morphin, das Antitussivum Noscapin oder das antibakterielle Sanguinarin. Die Benzylisochinoline kommen art- und varietätsspezifisch hauptsächlich in der Familie der Papaveraceen vor. Die Biosynthese verläuft bis zum zentralen Intermediat (S)-Retikulin für alle monomeren Benzylisochinoline gleich und ist auf enzymatischer und molekularbiologischer Ebene zum großen Teil bekannt. Im Gegensatz dazu weiß man über alle nachfolgenden Syntheseprozesse, die zu der charakteristischen Diversität der Wirkstoffe führen, noch recht wenig. Über die Korrelation von Genexpressionsmustern mit art- und varietätsspezifisch auftretenden Alkaloidprofilen innerhalb der Papaveroidae sollen weitere cDNAs erhalten werden, denen eine Rolle im Benzylisochinolinstoffwechselweg zugewiesen werden kann.

Zur Untersuchung der Genexpression einzelner Mohnpflanzen wurde die Macroarraytechnik etabliert. Zur Herstellung der Arrays werden cDNAs verwendet, die aus einem EST-Sequenzierprojekt (expressed sequence tag) stammen. Bislang wurden ca. 2.000 cDNA Klone einer cDNA-Bibliothek aus dem Stengel des Schlafmohns sequenziert und es konnten über 1.100 verschiedenen Sequenzen erhalten werden. Während 40 % dieser Sequenzen über Datenbankvergleich keine Funktion zugeordnet werden konnte, wiesen fünf cDNAs Funktionen im Alkaloidstoffwechsel auf. Nach Genexpressionsanalysen dieser ESTs und deren Korrelation mit den Alkaloidprofilen von bislang vier Mohnarten bzw. Varietäten konnte die Anzahl der cDNAs, die an der Ausprägung des für Schlafmohn typischen Alkaloidprofils beteiligt sein könnten, auf 39 reduziert werden. Hinsichtlich der Verfügbarkeit von 70 Mohnarten kann eine weitere Reduktion dieser Anzahl erwartet werden, so dass mit einer funktionellen Charakterisierung begonnen werden kann.

Eine der wichtigsten Reaktionen in der Benzylisochinolinbiosynthese ist die P450 abhängige Hydroxylierung des Benzylisochinolingrundgerüsts, die zu der großen strukturellen Vielfalt dieser Substanzgruppe führt. Wir erstellen eine Sammlung von cDNAs, die für P450-abhängige Monooxygenasen kodieren. Analog zu der Vorgehensweise des EST-Projektes werden diese auf ihre Expression untersucht, um erste Hinweise zu ihrer Funktion im Benzylisochinolinstoffwechselweg zu erhalten.

Einen weiteren Schwerpunkt unserer Arbeit bildet der Vergleich der Genexpression des Wildtyps mit einer morphiumfreien Mutante des Schlafmohns. Über eine cDNA-AFLP-Analyse konnten ca. 100 differentiell exprimierte Fragmente detektiert werden. Diese werden momentan anhand von Macroarraystudien verifiziert.

Publikationen

Abdala, G., Castro, G., Miersch, O. & Pierce, D. Changes in jasmonate and gibberellin levels during development of potato plants (*Solanum tuberosum*). *Plant Growth Reg.* **36**, 121-126.

Bachmann, A., Hause, B., Maucher, H., Garbe, E., Vörös, K., Weichert, H., Wasternack, C. & Feussner, I. Jasmonate-induced lipid peroxidation in barley leaves initiated by distinct 13-LOX forms of the chloroplast. *Biol. Chem.* **383**, 1645-1657.

Ellis, C., Karafyllidis, I., Wasternack, C. & Turner, J. G. The Arabidopsis mutant *cevl* links cell wall signaling to jasmonate and ethylene responses. *The Plant Cell* **14**, 1557-1566.

Feussner, I., & Wasternack, C. The lipoxygenase pathway. *Annu. Rev. Plant Biol.* **53**, 275-297.

Hause B., Maier, W., Miersch, O., Kramell, R. & Strack, D. Induction of jasmonate biosynthesis in arbuscular mycorrhizal barley roots. *Plant Physiol.* **130**, 1213-1220.

Nibbe, M., Hilpert, B., Wasternack, C., Miersch, O. & Apel, K. Cell death and salicylate- and jasmonate-dependent stress responses in Arabidopsis are controlled by single *cet* genes. *Planta* **216**, 120-128.

Oven, M., Grill, E., Golan-Goldhirsh, A., Kutchan, T.M. & Zenk, M.H. Increase of free cysteine and citric acid in plant cells exposed to cobalt ions. *Phytochemistry* **60**, 467-474.

Oven, M., Page, J.E., Zenk, M.H. & Kutchan, T.M. Molecular characterization of the homo-phytochelatin synthase of soybean *Glycine max.* *J. Biol. Chem.* **277**, 4747-4754.

Samappito, S., Page, J.E., Schmidt, J., De-Eknamkul, W. & Kutchan, T.M. Molecular characterization of root-specific chalcone synthases from *Cassia alata*. *Planta* **216**, 64-71.

Schilling, S., Hoffmann, T., Rosche, F., Manhart, S., Wasternack, C. & Demuth, H.-U. Heterologous expression and characterization of human glutaminyl cyclase: evidence for a disulfide bond with importance for catalytic activity. *Biochemistry* **41**, 10849-10857.

Schilling, S., Hoffmann, T., Wermann, M., Heiser, U., Wasternack, C. & Demuth, H.-U. Continuous spectrometric assays for glutaminyl cyclase activity. *Analytical Biochemistry* **303**, 49-56.

Wasternack, C., & Hause, B. Jasmonates and octadecanoids: Signals in plant stress responses and plant development. *Progr. Nucleic Acid Res. Mol. Biol.* **72**, 165-221.

Weichert, H., Kolbe, A., Kraus, A., Wasternack, C. & Feussner, I. Metabolic profiling of oxylipins in germinating cucumber seedlings - lipoxygenase-dependent degradation of triacylglycerols and biosynthesis of volatile aldehydes. *Planta* **215**, 612-619.

Bücher und Buchkapitel

Kutchan, T.M. Sequence-based approaches to alkaloid gene identification. In: *Phytochemistry in the Genomics and Postgenomics Era. Recent Advances in Phytochemistry*, Vol. **36**. (Romeo, J.T. & Dixon, R.A., eds.) Pergamon Elsevier Science Ltd. Kidlington, Oxford, pp. 163-178.

Kutchan, T.M. & Schröder, J. Selected cell cultures and induction methods for cloning and assaying cytochromes P-450 in alkaloid pathways. In: *Cytochrome P450 Part C. Methods Enzymology*, Vol. **357**, (Johnson, E.F., ed.) Academic Press, Amsterdam, Boston London, New York, Paris, San Francisco, San Diego, Oxford, pp. 370-381.

Scheel, D. & Wasternack, C. (eds.) *Plant Signal Transduction*. Oxford University Press, Oxford.

Scheel, D. & Wasternack, C. Signal transduction in plants: cross-talk with the environment. In: *Plant Signal Transduction*. (Scheel, D. & Wasternack, C., eds.) Oxford University Press, Oxford, pp. 1-5.

Publikationen im Druck

Abdala, G., Miersch, O., Kramell, R., Vigliocco, A., Agostini, E., Forchetti, G. & Alemano, S. Jasmonate and octadecanoid occurrence in tomato hairy roots. Endogenous level changes in response to NaCl. *Plant Growth Regul.* (2003).

Bailey, N.J.C., Oven, M., Holmes, E., Nicholson, J.K. & Zenk, M.H. Metabolomic analysis of the consequences of cadmium exposure in *Silene cucubalus* cell cultures via ¹H NMR spectroscopy and chemometrics. *Phytochemistry*.

Färber, K., Schumann, B., Miersch, O. & Roos, W. Selective desensitization of jasmonate- und pH-dependent signalling in the induction of benzophenanthridine biosynthesis in cells of *Eschscholzia californica*. *Phytochemistry* **62**, 491-500 (2003).

Monostori, T., Schulze, J., Sharma, V.K., Maucher, H., Wasternack, C., & Hause, B. Novel plasmid vectors for homologous transformation on barley (*Hordeum vulgare* L.) with the JIP23 cDNA in sense and antisense orientation. *Cereal Res.*

Samappito, S., Page, J.E., Schmidt, J., De-Eknamkul, W. & Kutchan, T.M. Aromatic and pyrone polyketides synthesized by a stilbene synthase from *Rheum tataricum*. *Phytochemistry*.

Stenzel, I., Hause, B., Maucher, H., Pitzschke, A., Miersch, O., Ziegler, J., Ryan, C. & Wasternack, C. Allene oxide cyclase dependence of the wound response and vascular bundle specific generation of jasmonate – Amplification in wound-signalling. *The Plant J.* **33**, 577-589 (2003).

Stenzel, I., Hause, B., Miersch, O., Kurz, T., Maucher, H., Weichert, H., Ziegler, J., Feussner, I., & Wasternack, C. Jasmonate biosynthesis by substrate availability and the allene oxide cyclase family of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Mol. Biol.*(2003).

Stenzel, I., Ziehe, K., Schurath, J., Hertel, S.C., Bosse, D. & Köck, M. Differential expression of PSI14, a phosphatase gene family, in response to phosphate availability, pathogen infection and during development. *Physiol. Plant.* (2003).

Vigliocco, A., Bonamico, M.B., Alemano, S., Miersch, O. & Abdala, G. Activation of jasmonic acid production in *Zea mays* L. infected by the maize rough dwarf virus-Río Cuarto. Reversions of symptoms by salicylic acid. *Biocell* **26**(3), 369-374 (2002).

Bücher und Buchkapitel im Druck

Stenzel, I., Maucher, H., Hornung, E., Wasternack, C. & Feussner, I. Transcriptional activation of jasmonate biosynthesis enzymes is not reflected at protein level. In: *Advanced Research on Plant Lipids*. (Murata, N., Yamada, M., Nishida, I., Okuyama, H., Sekiya, J., Hajime, W., eds.) Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (2002).

Stumpe, M., Stenzel, I., Weichert, H., Hause, B. & Feussner, I. The lipoxygenase pathway in mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. In: *Advanced Research on Plant Lipids*. (Murata, N., Yamada, M., Nishida, I., Okuyama, H., Sekiya, J., Hajime, W., eds.) Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (2002).

Wasternack, C. Jasmonates - Biosynthesis and role in stress responses and developmental processes. In: *Programmed Cell Death and Related Processes in Plants*. (Nooden, L.D., ed.) Academic Press Inc., New York (2003).

Wasternack, C. & Abel, S. Plant hormones. In: *Molecular Plant Physiology*. chapter 15 (Sharma, R., ed.) Harword Press, Binghamton (2003).

Weichert, H., Maucher, H., Hornung, E., Wasternack, C. & Feussner, I. Shift in fatty acid and oxylipin pattern of tomato leaves following overexpression of the allene oxide cyclase. In: *Advanced Research on Plant Lipids*. (Murata, N., ed.) Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (2002).

Abteilungsübergreifendes Projekt NWC-NBT: Sekundärmetabolismus in Hopfen (*Humulus*)

Gruppenleiter: Jan F. Stevens, Jürgen Schmidt, Jonathan Page

Diplomand (extern): Vincent Spelbos

Technische Assistentin: Martina Lerbs

Hopfen ist ein wichtiger Rohstoff der Bierindustrie, aber auch Lieferant für Wirkstoffe der Medizinischen Chemie. Die entscheidenden Inhaltsstoffe sind prenylierte Phenole wie Chalkone und Flavonoide. Ziel des neuen Projektes zwischen den Abteilungen Naturstoffbiotechnologie (NBT) und Natur- und Wirkstoffchemie (NWC) ist die Aufklärung der späten Schritte der Synthese der wirksamen Hopfenbestandteile, insbesondere der aromatischen Prenylierung.

Die Prenylierung der phenolischen Sekundärmetaboliten des Hopfens bewirkt eine deutliche Veränderung und Verstärkung der biologischen Wirkung dieser geschmacksgebenden Inhaltsstoffe. Von den Enzymen, die diesen Schritt katalysieren, Aromaten-Prenyltransferasen, gibt es bisher nur wenige gut charakterisierte. Nahezu alle sind membrangebunden (s. a. NWC AG's Biokatalyse und Computerchemie). Da im Hopfen die sekretorischen Drüsen, in denen die Prenylierungsschritte ablaufen, leicht isoliert werden können, erhoffen wir uns einen einfacheren Zugang zu den Enzymen und über expressed sequence tags (EST's) zu den entsprechenden Gensequenzen. Mit Hilfe isotope-markierter Substrate konnte erfolgreich ein LC/MS-Assay auf die Prenyltransferaseaktivität im Hopfen etabliert werden. Sowohl die Produkte der Prenylierung als auch die Ergebnisse des Assays lassen vermuten, dass es sich um eine lösliche Prenyltransferase handelt.

Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie

Pflanzen und Pilze sind ergiebige Quellen für Naturstoffe und Enzyme. Die Abteilung konzentriert sich auf die Isolierung, Charakterisierung, Modifizierung und Synthese dieser Inhaltsstoffe, um ihre Funktionen im natürlichen System zu verstehen. Die gewonnenen Kenntnisse tragen dann dazu bei, Naturstoffe als Leitstrukturen für die Entwicklung neuer Wirkstoffe zu nutzen. Enzyme dienen als Katalysatoren für chemische Reaktionen oder sind neue Ziele für die Wirkstoffentwicklung. Ergänzt werden diese Arbeiten durch die Entwicklungen neuer Methoden und de novo-Synthesen sowie kombinatorisch-chemische Arbeiten, die zu einer erhöhten strukturellen Variationsbreite chemischer Substanzen führen und so den Weg zur Anwendung in Medikamenten, Kosmetika oder Pflanzenschutz ermöglichen. Die chemoinformatische Verarbeitung und Modelling sollen die Untersuchungen komplettieren, indem sie zum theoretischen Verständnis beitragen.

Nachdem 2001 durch den Umzug und die Neueinrichtung der Abteilung geprägt war, folgte 2002 die Etablierung und Konsolidierung der neuen Arbeitsgruppen (AG's). In der AG Synthese & Methodenentwicklung erfolgte eine weitere Konzentration auf die Chemie der Macrocyclen. In der Methodenentwicklung gewannen besonders die selenbasierten Verfahren an Bedeutung, welches durch die Aufnahme in den DFG-Schwerpunkt Selenoproteine als einzige chemisch arbeitende Gruppe honoriert wurde. Die AG Biokatalyse & Ligandendesign konzentriert sich weiterhin auf Arbeiten im Bereich des Isoprenoid-Stoffwechsels. Der Fokus Prenyltransferasen wurde mit Arbeiten auf dem Gebiet des neuen Nicht-Mevalonat-(MEP/dxp)-Biosyntheseweges zu den Isoprengrundkörpern und durch theoretische Beiträge aus der Abteilung Strukturanalytik & Computerchemie ergänzt. Erstmals konnte das Modell einer aromatischen Prenyltransferase vorgestellt werden. In der AG Pflanzen- und Pilzinhaltsstoffe / Mikroanalytik konnte die Aufklärung von Inhaltsstoffen des äußerst komplex zusammengesetzten Antidrogenmittels Hea(n)tos weiter vorangetrieben werden. Neue Wirkstoffe wurden auch in Pilzen gefunden und eröffnen ein erhebliches Potential für die Zukunft. Die abteilungsübergreifenden Projekte GABI und Humulus wurden erfolgreich fortgesetzt. Dr. Fred Stevens, Nachwuchsgruppenleiter der AG Humulus, erhielt bereits vor abgeschlossener Habilitation den Ruf auf eine Professur an die Oregon State University in Corvallis (USA). Mit der Annahme des Rufes wird das Projekt Humulus zukünftig in einer Dreierpartnerschaft fortgeführt.

Um die gewonnenen Erkenntnisse zukünftig besser zu verwalten, analysieren und zugänglich zu machen, wurde das Projekt Phytobase als zentrale Datenbank für Naturstoffdaten in hoher Qualität initiiert.

Synthese und Methodenentwicklung

Gruppenleiter: Ludger Wessjohann, Brunhilde Voigt

Doktorand/Innen: Eelco Ruijter, Henri Schrekker, Chien Tran, Thao Tran,

Mingzhao Zhu

Postdoktoranden: John Bethke, Uwe Eichelberger, Lars Ostermann, Günter Scheid

Technische Assistentinnen: Angela Schaks, Gisela Schmidt

Die Synthese von Naturstoffen, naturstoffähnlichen Molekülen und artifiziiellen Derivaten ist entscheidend für die Gewinnung ausreichender Substanzmengen zur Entwicklung von Wirkstoffen und zum Erproben von Struktur-Eigenschafts-Beziehungen. Die Ausarbeitung neuer, selektiver Synthesemethoden als auch die Nutzung kombinatorischer Verfahren spielt eine wichtige Rolle, um neue Zugänge zu den erforderlichen Substanzen zu eröffnen und schnell ein Spektrum an Derivaten zu erzeugen. Selektive Reaktionen sind somit nicht nur für Totalsynthesen von Bedeutung, sie sind auch der Schlüssel, die chemische Diversität bekannter Strukturen zu erhöhen und zu Verbindungen mit verbessertem Wirkprofil zu gelangen.

Macrocyclen-Multikomponentensynthese:

Nach erfolgter Synthese bifunktionalisierter Steroidbausteine aus Lithocholsäure wurden durch Anwendung der Ugi-Multikomponentenreaktion im Eintopfverfahren die ersten Vertreter von Steroidcyclopeptoiden dargestellt. Modellrechnungen zeigen, dass die Hohlräume der synthetisierten Macrocyclen groß genug sind, um kleine organische Moleküle als Gast einzuschließen.

Macrocyclen-Combiocat:

Es konnte ein neuer spurlos zu entfernender Anker ("traceless linker") für die Kopplung empfindlicher Rifamycin-Antibiotika mit Aldehydgruppe an eine polymere Festphase entwickelt werden.

Macrocyclen-Totalsynthese:

Epothilone sind die derzeit vielversprechendsten Kandidaten als neue Mittel gegen Krebs auch für resistente Fälle. Die Synthese von Epothilon-Derivaten wird fortgeführt. Dabei konnten erstmals Epothilon D⁵-Derivate hergestellt werden.

Chrom- und selenbasierte Methoden:

Mithilfe eines Selen-Lawson-Reagenzes gelang die direkte Selenierung von Amiden. Das Reagenz verspricht weitere Möglichkeiten zur schnellen Selenierung. Eine Selenidvariante der Baylis-Hillman-Reaktion wurde untersucht. Im Bereich der Chrom(II)-vermittelten Reaktion wurden Probleme der Reaktionssteuerung durch chirale Liganden untersucht.

Biokatalyse und Ligandendesign

Gruppenleiter: Ludger Wessjohann

Doktorand/Innen: Marco Dessoy, Michael Fulhorst, Andrea Köver

Postdoktorand/in: Lech Łuczak, Svetlana Zakharova

Technische Assistentin: Gudrun Hahn

Enzyme ermöglichen katalytische Umsetzungen, die mit klassisch-chemischen Methoden oft nicht oder nur unter drastischeren Bedingungen erreicht werden können. Gleichzeitig sind Enzyme elementar zum Verständnis der Stoffwechselfvorgänge von Organismen und wichtige Ziele für Arzneimittel. Die Arbeitsgruppe versucht, geeignete Enzyme für chemische Anwendungen zu identifizieren, zu isolieren und zu charakterisieren, die Enzymmechanismen aufzuklären und deren Einsatz in der analytischen und präparativen Chemie vorzubereiten. Dies geschieht vor allem mit Hilfe substratbasierter chemischer Methoden wie Inhibitoren, Affinitätsmarkern oder markierten Substraten. Die Erkenntnisse werden auch zur Aufklärung von Stoffwechselwegen und zur Entwicklung von pharmazeutisch nutzbaren Inhibitoren genutzt.

Aromat-Prenyltransferasen sind wichtige Schlüsselenzyme zur Biosynthese zentraler Zwischenstufen für amphiphile Naturstoffe mit Prenylseitenkette, z. B. Vitamin E oder Ubichinone wie Q10. Ausgehend von der Struktur der natürlichen Substrate wurden mechanismusbasierte Sonden synthetisiert. Dadurch soll es gelingen, den Reaktionsmechanismus und das aktive Zentrum von Prenyltransferasen zu identifizieren. Die Synthese produktnaher Affinitätsmarker soll die Reinigung von Prenyltransferasen ermöglichen und helfen, neue Enzyme zu isolieren. Es wurde mit ersten Synthesen solcher Affinitätsmarker begonnen.

In den Plastiden von Pflanzen erfolgt die Synthese der Isoprenbasisbausteine Isopentenylidiphosphat und Dimethylallyldiphosphat (DMAPP) nach dem neuen MEP- oder dxp-Biosyntheseweg, dessen letzte Schritte erst 2002 aufgeklärt werden konnten. In Zusammenarbeit mit Prof. Zenk der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg konnte erstmals 4-Hydroxy-DMAPP als letztes Intermediat dieses Biosyntheseweges in Pflanzen nachgewiesen werden. Weitere potentielle Intermediate des Biosyntheseweges wurden synthetisiert.

Pflanzen- und Pilzinhaltsstoffe / Mikroanalytik

Gruppenleiter: Norbert Arnold, Jürgen Schmidt, Ludger Wessjohann

Doktorand/Innen: Tobias Herzfeld, Myint Myint Khine, Tilo Lübken,

Jana Mühlenberg, Lars Seipold

Postdoktorand/Innen: Thomas Degenkolb, Katrin Franke, Trinh Thi Thuy

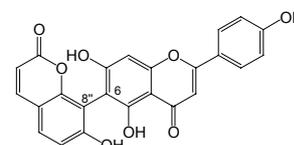
Technische Assistentinnen: Christine Kuhnt, Monika Kummer, Martina Lerbs

Die Isolierung und Charakterisierung von Inhaltsstoffen aus Pflanzen und Pilzen bildet die Basis für das Verständnis und die Untersuchung von Natur- und Wirkstoffen. Neben dem potentiellen Nutzen als Leitstrukturen für Anwendungen in der Medizin und Landwirtschaft ist vor allem das Aufspüren der Funktion dieser Stoffe in ihrem natürlichen System ein zentrales Anliegen unserer Forschung.

Das Präparat Hea(n)tos, ein auf der vietnamesischen Volksmedizin basierendes Arzneimittel zur Behandlung von Drogenabhängigkeit, setzt sich aus dreizehn vorwiegend pflanzlichen Komponenten zusammen. Im Rahmen eines von den Vereinten Nationen (UNOPS) koordinierten Großprojektes wollen wir die Einzelkomponenten identifizieren. Bisher wurden mehr als 150 Inhaltsstoffe charakterisiert, darunter auch mehrere bisher nicht bekannte Naturstoffe (z.B. Ferulasäure-Derivate, Monoterpen-Derivate).

Aus der endemisch auf der Insel Socotra (Jemen) vorkommenden Pflanze *Gnidia socotrana* (Thymelaeaceae) konnten zwei Flavon-Cumarin-Hybridverbindungen isoliert werden, die einen neuen Strukturtyp darstellen. In Pilzen der Gattung *Hygrophorus* (Agaricales) wurden Cyclopentenon-Derivate mit fungiziden Eigenschaften gefunden. Ein aus *Cortinarius bolaris* (Agaricales) isoliertes neues Benzofurangelkosid ist für eine Gelbfärbung des Pilzes bei Verletzung verantwortlich. In Kooperation mit dem Botanischen Garten München konnten in Blütenölen der Malpighiaceen und Orchidaceen neue, dihydroxylierte Fettsäuren und deren Glyceride mittels GC/MS nachgewiesen werden. Verschiedene Iridaceen und Primulaceen produzieren nur eines der möglichen Regioisomeren eines 1,2-Diacylglycerids aus einer (3R)-Acetoxypalmitinsäure- und einer Essigsäureeinheit. Weitere Erkenntnisse über die Evolution der Blütenöle ließen sich ableiten.

Nach der Etablierung der ultrahochauflösenden Elektrospray-Fourier-Transform-Ionen-Zyklotron-Resonanz-Technik (ESI-FT-ICR) konnten Probleme der Synthese (Makrocyclen) und Naturstoffisolierung bearbeitet werden. In Zusammenarbeit mit Professor Heide (Tübingen) hat die Kopplung der HPLC mit tandemmassen-spektrometrischen Methoden, z.B. SRM-Technik (selected reaction monitoring), zur Identifizierung einer Reihe neuer Aminocumarin-Antibiotika geführt. Produkte der Polyketid-Synthese wurden für die Abteilung Naturstoffbiotechnologie mittels LC-ESI-MS/MS identifiziert. Perlatolsäureabgeleitete Depside und Depsidone aus der Flechte *Lecidea inops* wurden durch LC-ESI-MS/MS unter positiver und negativer Ionisierung analysiert (Dr. Huneck).



6-(8''-Umbelliferyl)-Apigenin aus *Gnidia socotrana* (Thymelaeaceae)

Strukturanalytik und Computerchemie

Gruppenleiter: Andrea Porzel, Wolfgang Brandt

Wissenschaftliche Mitarbeiter: Monika Bögel, Susanne Drosihn

Doktorand: Lars Bräuer

Technisches Personal: Olaf Ludwig, Maritta Süße

In der Arbeitsgruppe Strukturanalytik und Computerchemie werden strukturelle und mechanistische Aspekte der Natur- und Wirkstoffchemie mittels Molecular Modeling, Chemoinformatik, Optischer und NMR-Spektroskopie bearbeitet. Theoretische Modelle tragen erheblich zum Verständnis der beobachteten Vorgänge und Meßergebnisse bei.

Die Erneuerung und Erweiterung des NMR-Geräte-Pools wurde 2002 mit der Installation eines Magic Angle Spinning (MAS) Hochauflösungs-Probenkopfes und eines 3-mm-Probenkopfes abgeschlossen. Seit März 2002 kann das 400-MHz-NMR-Spektrometer zur Aufnahme von ^1H -, ^{13}C -, ^{19}F - und ^{31}P -NMR-Spektren von den Mitarbeitern selbst benutzt werden. Im Servicebetrieb wurden am 300-MHz-NMR-Gerät circa 3500 Routine-Spektren aufgenommen. Das 500-MHz-NMR-Spektrometer wurde überwiegend für zweidimensionale NMR-Experimente genutzt. Insgesamt wurden über 5000 NMR-Spektren gemessen. In Zusammenarbeit mit anderen Arbeitsgruppen wurde z. B. die Konstitution und Konfiguration zweier bisher nicht beschriebener Auron-Doppelbindungsisomere aufgeklärt. Das NMR-Labor des IPB nahm auch erfolgreich am Ringtest der Bundesanstalt für Materialforschung und -prüfung (BAM) zur Validierung der ^1H -NMR-Spektroskopie als quantitativer Analysenmethode teil.

Mit der Installation von insgesamt drei UNIX-Workstations und eines PC-LINUX-WINDOWS-Rechenclusters sowie der wichtigsten Modeling Software wurde der technische Basisaufbau der Arbeitsgruppe Computerchemie – Modeling und Chemoinformatik abgeschlossen. Zur Vorbereitung eines Laborinformations- und Chemoinformatiksystems wurden SciDex-Datenbank, Phytobase und CLAKS-Substanzverwaltungssoftware evaluiert. Das System soll künftig die gewonnenen Daten allgemein und maschinell verfügbar machen und so erheblich zu einer effektiveren Nutzung der Ressourcen beitragen.

Im Bereich Modeling wurden im Rahmen einer Diplomarbeit zwei 3D-Modelle einer aromatischen Oligoprenyltransferase (*ubiA*) entwickelt. Diese Modelle erlauben erste Schlußfolgerungen zum aktiven Zentrum und zum Verständnis der Substratspezifität dieses Enzyms. Die Hypothese wird nun durch experimentelle Arbeiten mit ortsgerichteter Mutagenese geprüft. Systematische Modeling-Studien an Epothilonen und verwandten, krebshemmenden Stoffen führten zu neuen Einblicken zur Tubulinbindungsstelle und zur besseren Erklärung der Struktur-Wirkungsbeziehungen. Im Rahmen eines EU-Projektes wurde der molekulare Mechanismus der Langzeitwirkung eines kappa-selektiven Opioids mittels Dockingstudien an den Opioidrezeptor und *ab initio* DFT-Berechnungen aufgeklärt.

Publikationen

Berlich, M., Menge, S., Bruns, I., Schmidt, J., Schneider, B. & Krauss, G. J. Coumarins give misleading absorbance with Ellman's reagent suggestive of thiol conjugates. *Analyst* **127**, 333-336.

Braga, A. L., Silva, S. J. N., Lütke, D. S., Drekenner, R. L., Silveira, C. L., Rocha, J. B. T. & Wessjohann, L. A. Chiral diselenide ligands for the asymmetric copper-catalyzed conjugate addition of Grignard reagents to enones. *Tetrahedron Letters* **43**, 7329-7331.

Brandt, W. Struktur-Wirkungsbeziehungen von Opioiden. *Pharmazie in unserer Zeit* **31**, 60-66.

Brandt, W., Anders, A. & Vasilets, L. A. Predicted alterations in tertiary structure of the N terminus of Na⁺/K⁺-ATPase alpha-subunit caused by phosphorylation or acidic replacement of the PKC phosphorylation site Ser-23. *Cell Biochemistry and Biophysics* **37**, 83-95.

Buske, A., Schmidt, J. & Hoffmann, P. Chemotaxonomy of the tribe Antidesmeae (Euphorbiaceae): antidesmone and related compounds. *Phytochemistry* **60**, 489-496.

Ettrich, R., Brandt, W., Kopecky Jr., Baumruk, V., Hofbauerova, K. and Pavlicek, Z. Study of chaperone-like activity of human haptoglobin: Conformational changes under heat shock conditions and localization of interaction sites. *Biol. Chem.*, Vol. **383**, 1667-1676.

Franke, K., Porzel, A. & Schmidt, J. Flavone-coumarin hybrids from *Gnidia socotrana*. *Phytochemistry* **61**, 873-878.

Galm, U., Schimana, J., Fiedler, H.-P., Schmidt, J., Shu-Ming Li & Heide, L. Cloning and analysis of the simocyclinone biosynthetic gene cluster of *Streptomyces antibioticus* Tü 6040. *Arch Microbiol* **178**, 102-114.

Gao, W., Löser, R., Raschke, M., Dessoy, M., Fulhorst, M., Alpermann, H., Wessjohann, L. A. & Zenk, M. H. (E)-4-Hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate: an intermediate in the formation of terpenoids in plant chromoplasts. *Angew. Chem.* **114**, 2716-2720.

Holzgrabe, U., Cambareri, A., Kuhl, U., Siener, T., Brandt, W., Straßburger, W., Friderichs, E., Englberger, W., Kögel, B. & Haurand, M. Diazabicyclononanes, a potent class of kappa opioid analgesics. *Il Farmaco* **57**, 531-534.

Holzgrabe, U., Friderichs, E., Englberger, W., Kögel, B., Haurand, M., Strassburger, W., Brandt, W., Cambareri, A., Kuhl, U. & Siener, T. Diazabicyclononanes, a new class of opioid-type analgesics. *Science and Culture* **68**, 11-18.

Hui Xu, Zhao-Xin Wang, Schmidt, J., Heide, L. & Shu-Ming Li. Genetic analysis of the biosynthesis of the pyrrole and carbamoyl moieties of coumermycin A1 and novobiocin. *Mol. Genet. Genomics* **268**, 387-396.

Kolbe, A., Fuchs, P., Porzel, A., Baumeister, U. & Adam, G. Synthesis and crystal structure of [26,27-²H₂] 24-*epi*-cathasterone. *Perkin* **1**, 2022-2027.

Kolbe, A., Kramell, R., Porzel, A., Schmidt, J., Schneider, G. & Adam, G. Synthesis of dexamethasone conjugates of the phytohormones gibberellin A₃ and 24-epicastasterone. *Collect. Czech. Chem. Commun.* **67**, 103-114.

Landtag, J., Baumert, A., Degenkolb, T., Schmidt, J., Wray, V., Scheel, D., Strack, D. & Rosahl, S. Accumulation of tyrosol glucoside in transgenic potato plants expressing a parsley tyrosine decarboxylase. *Phytochemistry* **60**, 683-689.

Lecaille F., Choe Y., Brandt W., Li, Z., Craik, C.S. & Bromme, D. Selective inhibition of the collagenolytic activity of human cathepsin K by altering its S2 subsite specificity. *Biochemistry* **41**, 8447-8454.

Lübken, T., Kraus, A. & Lorenz, W. Polyphenole in Weinen aus Sachsen und Sachsen-Anhalt. *Lebensmittelchemie* **56**, 103.

Nguyen T. H. Anh, Tran Van Sung, Porzel, A., Franke, K. & Wessjohann, L. Homoisoflavonoids from *Ophiopogon japonicus* Ker-Gawler. *Phytochemistry* **62**, 1153-1158.

Samappito, S., Page, J., Schmidt, J., De-Eknamkul, W. & Kutchan, T. M. Molecular characterization of root-specific chalcone synthases from *Cassia alata*. *Planta* **216**, 64-71.

Schneider, G., Fuchs, P. & Schmidt, J. Evidence for the direct 2β- and 3β-hydroxylation of [²H₂]GA₂₀-13-O-[6'-²H₂]glucoside in seedlings of *Phaseolus coccineus*. *Physiologia Plantarum* **116**, 144-147.

Schrekker, H., de Bolster, M., Orru, R. & Wessjohann, L. In Situ Formation of Allyl Ketones via Hiyama-Nozaki Reactions Followed by a Chromium-Mediated Oppenauer Oxidation. *J. Org. Chem.* **67**, 1975-1981.

Schrack, K., Mayer, U., Martin, G., Bellini, C., Kuhnt, C., Schmidt, J. & Jürgens, G. Interactions between sterol biosynthesis genes in embryonic development of *Arabidopsis*. *Plant J.* **31**, 61-73.

Shu-Ming Li, Westrich, L., Schmidt, J., Kuhnt, C. & Heide, L. Methyltransferase genes in *Streptomyces rishiriensis*: new coumermycin derivatives from gene inactivation experiments. *Microbiology* **148**, 3317-3326.

Smagghe, G., Decombel, L., Carton, B., Voigt, B., Adam, G. & Tirry, L. Action of brassinosteroids in the cotton leafworm *Spodoptera littoralis*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology* **32**, 199-204.

Stano, J., Micieta, K., Neubert, K., Luckner, M. & Adam, G. A simple method for the identification and assay of extracellular plant β-galactosidase. *Pharmazie* **57**, 176-177.

Tran Van Sung, Trinh Thi Thuy, Thach Thi Dan, Adam, G. & Merzweiler, K. Isolation and structure of isocorydin and corydalmin from the rhizome of *Stephania rotunda*. *J. of Chemistry (Vietnam)*, **40**, 35-40.

Trinh Phuong Lien, Kamperdick, C., Schmidt, J., Tran Van Sung & Adam, G. Apotirucallane triterpenoids from *Luvunga sarmentosa* (Rutaceae). *Phytochemistry* **60**, 747-754.

Voigt, B., Porzel, A., Adam, G., Golsch, D., Adam, W., Wagner, C. & Merzweiler, K. Synthesis of 2,24-diepicasterone and 3,24-diepicasterone as potential brassinosteroid metabolites of the cockroach *Periplaneta americana*. *Collect. Czech. Chem. Commun.* **67**, 91-102.

Publikationen im Druck

Eckermann, C., Schröder, G., Eckermann, St., Strack, D., Schmidt, J., Schneider, B. & Schröder, J. Stilbene carboxylate biosynthesis: a new function in the family of chalcone synthase related proteins. *Phytochemistry* **62**, 271-286 (2003).

Huneck, S., Lumbsch, H. Th., Porzel, A. & Schmidt, J. Die Verteilung von Flechteninhaltsstoffen in *Lecanora muralis* und *Lecidea inops* und die Abhängigkeit der Usninsäure-Konzentration vom Substrat und von den Jahreszeiten bei *Lecanora muralis*. *Herzogia*.

Kolbe, A., Porzel, A., Schmidt, J. & Adam, G. A new synthesis of [26,28-²H₆]brassinolide and [26,28-²H₆]castasterone via unusual methyl migration. *J. Lab. Comp. Radiopharm.*

Mrestani-Klaus, C., Brandt, W., Faust, J., Wrengler, S., Reinhold, D., Ansorge, S. & Neubert, K. New results on the conformations of potent DP IV (CD26) inhibitors bearing the N-terminal MWP structural motif. Int. Conf. "Dipeptidyl aminopeptidases: Basic science and clinical applications", Berlin, 26.-29.09.

Münzenberger, B., Hammer, E., Wray, V., Schauer, F., Schmidt, J. & Strack, D. Detoxification of ferulic acid by ectomycorrhizal fungi. *Mycorrhiza*.

Nguyen Thi Hoang Anh, Tran Van Sung, Wessjohann, L. A. & Adam, G. Some homoisoflavonoidal compounds from *Ophiopogon japonicus* Ker – Gawler. *J. of Chemistry (Vietnam)*.

Nguyen Thi Hoang Anh, Tran Van Sung, Wessjohann, L. A. & Adam, G. Some hydroxycinnamic acid esters of phenylethyl alcohol glycosides from *Rehmannia glutinosa* Libosh. *J. of Chemistry (Vietnam)*.

Nguyen Thi Hoang Anh, Tran Van Sung, Wessjohann, L. A. & Adam, G. The iridoids and iridoid glucosid from the *Rehmannia glutinosa* rhizome. *J. of Chemistry (Vietnam)*.

Samappito, S., Page, J., Schmidt, J., De-Eknamkul, W. & Kutchan, T. M. Aromatic and pyrone polyketides synthesized by a stilbene synthase from *Rheum tataricum*. *Phytochemistry* **62**, 313-323 (2003).

Abteilungsübergreifendes Projekt: GABI

Auf der Suche nach Signalen: Stressinduzierte Veränderungen in (Sekundär-)Metabolit-, Peptid- und Proteinmustern

(“GABI Project: Searching for Signals: Stress-induced changes in Arabidopsis secondary metabolite, peptide and protein patterns”)

Gruppenleiter: Stephan Clemens, Jürgen Schmidt, Ludger Wessjohann, Dierk Scheel
Postdoktorand/Innen: Thomas Degenkolb, Edda von Röpenack-Lahaye, Udo Roth
Technische Assistentinnen: Claudia Horn, Kerstin Körber

Ziel des Projektes ist es, die im Rahmen der „Functional Genomics“ verfolgte Analyse des Transcriptoms von *Arabidopsis thaliana* durch das umfassende „Profiling“ von Proteinen, Peptiden und Metaboliten zu ergänzen. Die gewonnenen Profile sollen für die Detektion früher, stressinduzierter Veränderungen genutzt werden, um so die Identifizierung bislang unbekannter Signalmoleküle und Stressantworten zu ermöglichen. Weiterhin sollen so Werkzeuge für die im Zuge der “Reverse Genetics” immer wichtiger werdende biochemische Charakterisierung von Mutanten entwickelt werden.

Das „Profiling“ von *Arabidopsis thaliana* (Sekundär-)Metaboliten stützt sich vor allem auf Kapillar-LC und ESI-Q-TOF-Massenspektrometrie. Für diese noch junge Technik existieren nur sehr begrenzt Werkzeuge für die Datenauswertung. Deshalb sind von uns Verfahren für die automatische Analyse und Evaluierung von Daten entwickelt worden, um den Probendurchsatz erhöhen zu können. Dadurch sind wir jetzt in der Lage, in Wurzelextrakten etwa 1000 Massensignale und in Blattextrakten etwa 1200 Massensignale zu detektieren. Weitgehende Automatisierung erlaubt die Analyse von mehreren Proben pro Tag. Erhaltene Massendaten können mit Hilfe einer selbst angelegten *Arabidopsis thaliana*-Datenbank verglichen werden. Die Gewinnung struktureller Informationen für interessante Metabolite mittels Tandem-MS ist erfolgreich erprobt worden. Zusammen mit der Genauigkeit der Massenbestimmung des eingesetzten Massenspektrometers lassen sich viele detektierte Verbindungen identifizieren oder klassifizieren. Eine umfassende Evaluierung der Profiling-Methode ist inzwischen abgeschlossen. Verschiedene Arabidopsis-Mutanten und -Ökotypen sind im Rahmen von Kollaborationen analysiert worden.

Durch die Etablierung einer stark verbesserten Bildauswertung für zweidimensionale Gele wurde die Protein- und Peptidanalytik weiterentwickelt. Zudem ist die Analyse löslicher Arabidopsis-Proteine auf Samen ausgedehnt worden. Auch die Auftrennung von Proteinen < 10 kDa wurde erprobt. Die Identifizierung von Proteomveränderungen als Antwort auf Metallexposition ist im Wesentlichen abgeschlossen. Für einige stressinduzierte Proteine ist die funktionale Analyse mit der Etablierung homozygoter Knock-out-Linien initiiert worden. Wie für das „Metabolite Profiling“ wurden zudem eine Reihe von Mutanten in Zusammenarbeit mit anderen Gruppen untersucht.

Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie

Die pflanzliche Entwicklung ist, wenn auch genetisch determiniert, so doch in erheblichem Umfang durch biotische und abiotische Umweltfaktoren modulierbar. Dadurch ist gewährleistet, dass Entwicklungsprogramme an jeweilige Standortbedingungen angepasst beziehungsweise Schutz- und Abwehrreaktionen in Stresssituationen eingeleitet werden können. Dies bietet bei der sessilen pflanzlichen Lebensweise einen Vorteil.

Die Grundlage dieser Prozesse bildet die Fähigkeit von Pflanzen, die entsprechenden Umweltfaktoren zu erkennen und über Signaltransduktionsprozesse in veränderte Genexpressionsmuster zu übersetzen. Die Untersuchung der molekularen Mechanismen dieser Vorgänge steht im Mittelpunkt der Arbeiten der Abteilung „Stress- und Entwicklungsbiologie“.

Bei den biotischen Umweltfaktoren konzentrieren sich die Arbeiten auf die Wechselwirkungen von Pathogenen mit Pflanzen, die für sie keine Wirtspflanzen darstellen. In diesen Fällen zeigt die Pflanze eine stabile Resistenz, die auf der Aktivierung einer aus vielen Komponenten bestehenden Abwehrreaktion beruht. Mehrere Arbeitsgruppen der Abteilung untersuchen Erkennungs-, Signaltransduktions- und Genaktivierungsprozesse, die bei der Wechselwirkung von Pflanzen und Pathogenen eine Rolle spielen.

Unter den abiotischen Umweltfaktoren werden schwerpunktmäßig Metalle in ihrem Einfluss auf die pflanzliche Entwicklung untersucht. Die Arbeitsgruppe „Metallhomöostase“ studiert am Beispiel einer Metallakkumulierenden Modellpflanze die Struktur und Funktion von Genen, die für die Toleranz dieser Pflanze gegenüber ansonsten toxischen Metallkonzentrationen verantwortlich sind.

Signalerkennung in Pflanze-Pathogen Interaktionen

Gruppenleiter: Thorsten Nürnberger

Postdoktoranden: Frédéric Brunner, Birgit Kemmerling, Justin Lee

Doktorandin: Yvonne Gäbler

Diplomand: Stephan Engelhardt

Technische Assistentinnen: Jutta Elster, Claudia Horn, Christel Rülke

Die Fähigkeit zur Aktivierung von Abwehrmechanismen gegen mikrobielle Infektionen ist charakteristisch für alle höheren Organismen. In Wirbeltieren und Insekten beruht die Wahrnehmung mikrobieller Pathogene auf der rezeptorvermittelten Erkennung von pathogentypischen Strukturen, die nicht in den Wirtsorganismen vorkommen und wichtige Funktionen im Lebenszyklus der Mikroorganismen ausüben. Unsere Arbeiten zur Auslösung pflanzlicher Abwehrreaktionen haben gezeigt, dass die Evolution von Pathogenperzeptionssystemen in Pflanzen ähnlichen Prinzipien folgt wie in Tieren. So sind Pflanzen auch in der Lage, Oberflächenstrukturen von Pathogenen wahrzunehmen. Das führt zu einer empfindlichen Erkennung eines Pathogens und zu einer synergistisch verstärkten Abwehrreaktion seitens der Pflanze. Phytopathogene Bakterien der Gattung *Pseudomonas* produzieren das sekretorische Protein HrpZ. Das Protein bildet in Lipiddoppelmembranen Ionenkanäle. Diese Aktivität ist jedoch nicht notwendig für die Fähigkeit von HrpZ, pflanzliche Abwehrreaktionen auszulösen.

Eine Transglutaminase (TGase), die in der Zellwand von verschiedenen Spezies der Gattung *Phytophthora* nachgewiesen wurde, dient als Erkennungsdeterminante für die Auslösung von nicht-kultivarspezifischen Abwehrreaktionen in Petersilie und Kartoffel. Innerhalb des Proteins konnte ein evolutionär konserviertes Peptid (Pep-13) identifiziert werden. Pep-13 vermittelt die rezeptorabhängige Erkennung des Pathogens an der pflanzlichen Oberfläche. Mutationen in Pep-13, die die Elicitoraktivität der TGase zerstörten oder stark reduzierten, hatten ebensolchen Einfluss auf deren Enzymaktivität. Daraus lässt sich schließen, dass Pflanzen im Zuge der Evolution Rezeptoren für stabile und für die endogene Aktivität unverzichtbare Epitope mikrobieller Oberflächen erworben haben, die die molekulare Grundlage für dauerhafte Pathogenresistenz bilden könnten. Viele *Phytophthora*-Arten besitzen ein 24-kDa Zellwandprotein (NPP1), das ähnliche Abwehrreaktionen in Petersilie (und anderen Pflanzen) induziert wie Pep-13. NPP1 aktiviert unabhängig von Pep-13 alle weiteren Komponenten der Pep-13-induzierten Signalkaskade. Vermutlich erkennen Pflanzen eine sehr breite Vielfalt von pathogenstämmigen Signalen, die sie in konservierte Signaltransduktionsnetze und Abwehrreaktionen umwandeln. Das bakterielle Effektorprotein HrpZ induziert die rezeptorvermittelte Aktivierung von Abwehrreaktionen in Petersilie, Arabidopsis und Tabak. Die Fähigkeit von HrpZ, Kationenporen in Lipiddoppelmembranen zu bilden, spiegelt vermutlich seine Funktion während der Infektion wider, ist jedoch verzichtbar für die Auslösung pflanzlicher Pathogenabwehrreaktionen.

Zelluläre Signaltransduktion

Gruppenleiter: Dierk Scheel

Postdoktorand/Innen: Magdalena Krzymowska, Violetta Macioszek, Jason Rudd

Doktorand/Innen: Reetta Ahlfors, Anja Nickstadt, Rita Schlichting

Technische Assistentin: Barbara Degner

Bei der Nichtwirts-Interaktion zwischen dem Sojapathogen *Phytophthora sojae* und Petersilie fungiert der Oligopeptidelicitor Pep-13, der von einem Rezeptor in der pflanzlichen Plasmamembran gebunden wird, als ein Erkennungssignal. Zu den Elementen, die das vom Pep-13-Rezeptor erzeugte zelluläre Signal in die spezifische Aktivierung von Abwehrgenen umsetzen, gehören Ionenkanäle der Plasmamembran, Proteinkinasen, eine NADPH-Oxidase und Jasmonat. Zusammen mit weiteren noch unbekanntenen Komponenten bilden diese Elemente ein komplexes rezeptorreguliertes Netzwerk der Signaltransduktion, das – zeitlich und räumlich strikt reguliert – eine aus vielen Bestandteilen bestehende Abwehrreaktion auslöst.

Im Mittelpunkt der Arbeiten stand die Fortsetzung der funktionalen Analyse der Rolle von mitogenaktivierten Proteinkinasen (MAPKs) und von reaktiven Sauerstoffspezies bei der Aktivierung von Abwehrgenen. Beide Reaktionen erfordern den vorübergehenden Anstieg der cytosolischen Ca^{2+} -Konzentration, der durch Bindung des Pep-13-Elicitors an seinen Rezeptor ausgelöst wird. Die vier aus Petersilie isolierten MAPK-Gene wurden entsprechend der kürzlich für *Arabidopsis thaliana* vorgeschlagenen Nomenklatur als PcMPK3a, 3b, 4 und 6 bezeichnet. Nach Pep-13-Behandlung von Petersiliezellen werden PcMPK3a, 3b, 6 und eine vierte noch unbekannte MAPK durch Phosphorylierung des konservierten TEY-Motivs aktiviert und in den Zellkern transportiert, während PcMPK4 nicht aktiviert wird. Transiente Co-Expressionen dominant inaktiver Derivate von PcMPK3a, 6 und 4 mit Reportergenfusionen der PR1- und PR2-Promotoren (pathogenesis-related) zeigten, dass die Aktivierung dieser Gene durch Pep-13 von PcMPK 3a und 6, nicht aber durch PcMPK4 reguliert wird. MAPKs werden von MAPK-Kinasen, sogenannten MEKs, phosphoryliert und damit aktiviert. Zwei für PcMEK1 und 2 kodierende cDNAs wurden aus Petersilie isoliert. Nur PcMEK2 wird nach Pep-13-Behandlung von Petersiliezellen aktiviert und phosphoryliert dann PcMPK3a, 3b und 6, nicht jedoch PcMPK4.

Die Pep-13-vermittelte Aktivierung der MAPKs und der durch sie regulierten Gene verläuft unabhängig von den während des „oxidative burst“ gebildeten reaktiven Sauerstoffspezies. Im Gegensatz dazu sind die von einer NADPH-Oxidase primär gebildeten Superoxidradikal-Anionen notwendig und hinreichend für die Produktion von Phytoalexinen und die Aktivierung der Gene, die für deren biosynthetische Enzyme kodieren. Zwei für NADPH-Oxidasen kodierende Gene wurden aus Petersilie isoliert und teilweise charakterisiert. Das Transkript eines der beiden Gene akkumuliert nach Pep-13-Behandlung der Petersiliezellen. Heterologe Expression dieser Transkripte in Hefe führte zur Synthese membrangebundener aktiver NADPH-Oxidasen.

Induzierte Pathogenabwehr

Gruppenleiter: Dierk Scheel & Sabine Rosahl

Postdoktorandinnen: Grit Rothe, Lore Westphal

Doktorand/Innen: Vincent Halim, Astrid Hunger, Jörn Landtag

Technische Assistentin: Angelika Weinel

Zur Aufklärung der Mechanismen zur Abwehr von *Phytophthora infestans*, dem Erreger der Kraut- und Knollenfäule der Kartoffel, wird die Interaktion von *P. infestans* mit der Wirtspflanze *Solanum tuberosum* und der Nichtwirtspflanze *Arabidopsis thaliana* untersucht. Bei der Kartoffel stehen die Erkennung des Pathogens, die Identifizierung von Signaltransduktionswegen und die Charakterisierung der Pathogenabwehr im Vordergrund der Untersuchungen.

Das Oligopeptid Pep-13, das als Elicitor der Pathogenabwehr in Petersilie identifiziert wurde (s. Arbeitsgruppen „Signalerkennung in Pflanze-Pathogen Interaktionen“ und „Zelluläre Signaltransduktion“), ruft auch in Kartoffelzellen und -pflanzen Abwehrreaktionen hervor. So wird ein „oxidative burst“, die Alkalisierung des Zellkulturmediums und die Akkumulation von Transkripten für Lipoxygenasen, Enzymen des Phenylpropanstoffwechsels und PR-Proteinen (pathogenesis-related) beobachtet. Die Spezifität der Induktion von Abwehrreaktionen scheint in Kartoffel ähnlich wie in Petersilie zu sein. Die Bedeutung der Erkennung von Pep-13 für die Abwehrreaktionen der Kartoffel soll durch transgene Ansätze untersucht werden.

Sowohl die Behandlung mit Pep-13 als auch die Infektion mit *P. infestans* rufen in Kartoffel die Akkumulation von Oxylipinen des 9-Lipoxygenaseweges hervor. Neben antimikrobiellen Eigenschaften und Signalfunktionen wird diesen Oxylipinen auch eine Rolle bei der Lipidperoxidation während des hypersensitiven Zelltodes zugeschrieben. Funktionelle Analysen durch transgene Kartoffelpflanzen mit RNA-Interferenz-Konstrukten für spezifische 9-Lipoxygenasen werden zur Zeit durchgeführt. Ob Solanaceen-spezifische Oxylipine auch in anderen Pflanzen für die Pathogenabwehr von Bedeutung sein können, wird durch Transfer der entsprechenden Gene in *Arabidopsis thaliana* untersucht.

Die Infiltration von *Pseudomonas syringae* in Kartoffel bewirkt zusätzlich die Akkumulation des 13-Lipoxygenaseprodukts Jasmonsäure und deren Vorstufe 12-Oxo-Phytodiensäure. Transgene Kartoffelpflanzen, die Einkettenantikörper gegen Jasmonsäure exprimieren, zeigen eine geringere Expression von jasmonatregulierten Genen. Ob bei diesen Pflanzen auch die Antwort auf Pathogenbefall verändert ist, wird zur Zeit analysiert.

P. infestans ist nicht in der Lage, *Arabidopsis thaliana* erfolgreich zu infizieren. Die Untersuchung dieser Interaktion soll Aufschluss über Mechanismen der Nichtwirts-Resistenz geben. Die Arabidopsismutante *pen2*, die eine veränderte Nichtwirts-Resistenz gegenüber *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* zeigt (Lipka, Schulze-Lefert, MPIZ Köln), reagiert auch auf Infektion mit *P. infestans* mit verstärktem hypersensitivem Zelltod. Eine mutagenisierte *pen2*-Population wird zur Zeit auf weitere Veränderungen in ihrer Reaktion auf *P. infestans*-Befall untersucht.

Metallhomöostase

Gruppenleiter: Dieter Neumann & Stephan Clemens

Wissenschaftlerin: Uta zur Nieden

Postdoktorand/in: Emiko Harada, Thomas Maier

Doktorand/Innen: Clarice de Figueiredo, Claudia Simm, Pierre Tennstedt,

Christoph Vess, Susan Wassersleben, Michael Weber

Technische Assistentinnen: Marina Häußler, Elke Hillert, Sylvia Krüger

Pflanzen müssen – wie alle anderen Lebewesen – die intrazelluläre Konzentration von essentiellen, jedoch potentiell toxischen Metallen sehr genau regulieren. Außerdem sollten sie die Konzentrationen nicht-essentieller, toxischer Metalle wie Cadmium möglichst gering halten. Dies wird erreicht durch ein Netzwerk von Transport-, Chelatierungs- und Sequestrierungsprozessen. Projekte dieser Gruppe zielen auf die molekulare Charakterisierung von Komponenten der pflanzlichen Metallhomöostase, -toleranz und -hyperakkumulation durch Untersuchungen an *Arabidopsis thaliana*, einigen auf mittelalterlichen Halden vorkommenden Metallophyten (*A. halleri*, *Silene*, *Minuartia*, *Armeria*) und der Spaltheife *Schizosaccharomyces pombe* als zellulärem Modellsystem.

Die Bildung von Phytochelativen (PCs) ist eine prinzipielle Antwort von Pflanzen auf Metallexposition. Wir haben die direkte Aktivierung von PC-Synthasen (PCS) durch Metallionen in „Peptide Scans“, d. h. mit auf Filter gespotteten Peptid-Banken für zwei PCS-Proteine untersucht. Cd²⁺-Bindungsstellen konnten identifiziert und mittels gerichteter Mutagenese funktionell charakterisiert werden. Das „Expression Profiling“ mittels cDNA-AFLP in *A. halleri* ist durch die Suche nach konstitutiven Unterschieden zwischen *A. halleri* und *A. thaliana* mittels Affymetrix GeneChips ergänzt worden. Zu den ca. 20 Genen mit teilweise extrem erhöhter Aktivität in *A. halleri* gehören interessanterweise einige bekannte Metallhomöostase-Gene, die für Transporter oder an der Synthese von Chelatoren beteiligte Enzyme kodieren. Ziel ist es, den Zusammenhang zwischen den Beobachtungen auf molekularer Ebene und den besonderen Zn/Cd-Toleranz- und Akkumulationseigenschaften von *A. halleri* zu verstehen.

Metalltoleranz in höheren Pflanzen ist ein elementspezifischer Prozess. Für Zellkulturen von *Silene jenseensis* konnte gezeigt werden, dass für die Toleranz gegenüber Zn und Cu in der gleichen Zelle unterschiedliche Mechanismen verantwortlich sind. Die Toleranz gegenüber Zn basiert auf zwei Si-abhängigen Prozessen. Im Zytoplasma und in den Mitochondrien sind Zn- und Si-haltige Niederschläge zu beobachten, die als nicht vollständig substituiertes Zn-Silikat identifiziert werden konnten. Solche Silikate sind instabil; sie zerfallen spontan unter Bildung von SiO₂. Zn-Silikat dient als temporärer Speicher, der toxische Zn-Konzentrationen im Zytoplasma verhindert. In das Zytoplasma wird nur ein Teil des applizierten Zn aufgenommen; der Rest bleibt apoplastisch und wird über einen endozytotischen Mechanismus als Zn-Silikat direkt in die Vakuole transportiert. Die höchsten Cu-Konzentrationen sind in den Mitochondrien zu beobachten, es gibt keine Korrelation zwischen Cu- und Si-Verteilung. Die beobachtete Wachstumshemmung ist offenbar auf eine Störung des Energiestoffwechsels zurückzuführen.

Publikationen

Berger, S. Jasmonate-related mutants of *Arabidopsis* as tools for studying stress signaling. *Planta* **214**, 497-504.

Berger, S., Mitchell-Olds, T. & Stotz, H.U. Local and differential control of vegetative storage protein expression in response to herbivore damage in *Arabidopsis thaliana*. *Physiol. Plant.* **114**, 85-91.

Bloss, T., Clemens, S. & Nies, D.H. Characterization of the ZAT1p zinc transporter from *Arabidopsis thaliana* in microbial model organisms and reconstituted proteoliposomes. *Planta* **214**, 783-791.

Brunner, F., Rosahl, S., Lee, J., Rudd, J.J., Geiler, C., Kauppinen, S., Rasmussen, G., Scheel, D. & Nürnberger, T. Pep-13, a plant defense-inducing pathogen-associated pattern from *Phytophthora*. *EMBO J.* **21**, 6681-6688.

Brunner, F., Wirtz, W., Rose, J.K.C., Darvill, A.G., Govers, F., Scheel, D. & Nürnberger, T. A β -glucosidase/xylosidase from the phytopathogenic oomycete, *Phytophthora infestans*. *Phytochemistry* **59**, 689-696.

Clemens, S., Bloss, T., Vess, C., Neumann, D., Nies, D.H. & zur Nieden, U. A transporter in the endoplasmic reticulum of *Schizosaccharomyces pombe* cells mediates zinc storage and differentially affects transition metal tolerance. *J. Biol. Chem.* **277**, 18215-18221.

Clemens, S., Palmgren, M.G. & Krämer, U. A long way ahead: understanding and engineering plant metal accumulation. *Trends Plant Sci.* **7**, 309-315.

Fellbrich, G., Romanski, A., Varet, A., Blume, B., Brunner, F., Engelhardt, S., Felix, G., Kemmerling, B., Krzymowska, M. & Nürnberger, T. NPPI, a *Phytophthora*-associated trigger of plant defense in parsley and *Arabidopsis*. *Plant J.* **32**, 375-390.

Göbel, C., Feussner, I., Hamberg, M. & Rosahl, S. Oxylipin profiling in pathogen-infected potato leaves. *Biochim. Biophys. Acta* **1584**, 55-64.

Ichimura, K., Shinozaki, K., Tena, G., Sheen, J., Henry, Y., Champion, A., Kreis, M., Zhang, S., Hirt, H., Wilson, C., Heberle-Bors, E., Ellis, B.E., Morris, P.C., Innes, R.W., Ecker, J.R., Scheel, D., Klessig, D.F., Machida, Y., Mundy, J., Ohashi, Y. & Walker, J.C. Mitogen-activated protein kinase cascades in plants: a new nomenclature. *Trends Plant Sci.* **7**, 301-308.

Kamphausen, T., Fanghänel, J., Neumann, D., Schulz, B. & Rahfeld, J.-U. Characterization of *Arabidopsis thaliana* AtFKBP42 that is membrane bound and interacts with HSP90. *Plant J.* **32**, 263-276.

Kroj, T., Rudd, J.J., Nürnberger, T., Gäbler, Y., Lee, J. & Scheel, D. Mitogen-activated kinases play an essential role in oxidative burst-independent expression of pathogenesis-related genes in parsley. *J. Biol. Chem.* published November 7, 2002 as 10.1074/jbc.M208200200.

Landgraf, P., Feussner, I., Hunger, A., Scheel, D. & Rosahl, S. Systemic accumulation of 12-oxo-phytodienoic acid in SAR-induced potato plants. *Eur. J. Plant Pathol.* **108**, 279-283.

Landtag, J., Baumert, A., Degenkolb, T., Schmidt, J., Wray, V., Scheel, D., Strack, D. & Rosahl, S. Accumulation of tyrosol glucoside in transgenic potato plants expressing a parsley tyrosine decarboxylase. *Phytochemistry* **60**, 683-689.

Lee, J. & Rudd, J.J. Calcium-dependent protein kinases: versatile plant signalling components necessary for pathogen defence. *Trends Plant Sci.* **7**, 97.

Lubaretz, O. & zur Nieden, U. Accumulation of plant small heat-stress proteins in storage organs. *Planta* **215**, 220-228.

Neumann, D. & De Figueiredo, C. A novel mechanism of silicon uptake. *Protoplasma* **220**, 59-67.

Newman, M.A., von Röpenack-Lahaye, E., Parr, A., Daniels, M.J. & Dow, J.M. Prior exposure to lipopolysaccharide potentiates expression of plant defenses in response to bacteria. *Plant J.* **29**, 487-495.

Nürnbergger, T. & Brunner, F. Innate immunity in plants and animals: emerging parallels between the recognition of general elicitors and pathogen-associated molecular patterns. *Curr. Opin. Plant Biol.* **5**, 318-324.

Petters, J., Göbel, C., Scheel, D. & Rosahl, S. A pathogen-responsive cDNA from potato encodes a protein with homology to a phosphate-starvation induced phosphatase. *Plant Cell Physiol.* **43**, 1049-1053.

Varet, A., Parker, J., Tornero, P., Nass, N., Nürnbergger, T., Dangl, J. L., Scheel, D. & Lee, J. *NHL25* and *NHL3*, two *NDR1/HIN1*-like genes in *Arabidopsis thaliana* with potential role(s) in plant defense. *Mol. Plant-Microbe Interact.* **15**, 608-616.

Bücher und Buchkapitel

Clemens, S., Thomine, S. & Schroeder, J.I. Molecular mechanisms that control plant tolerance to heavy metals and possible roles towards manipulating metal accumulation. In: *Plant Biotechnology and Transgenic Plants* (Oksman-Caldentey, K.-M. & Barz, H.W., eds.) Marcel Dekker, Inc., New York, pp. 665-691.

Scheel, D. Oxidative burst and the role of reactive oxygen species in plant-pathogen interactions. In: *Oxidative Stress in Plants* (Inzé, D., van Montagu, M., eds.) Taylor & Francis, London, pp. 137-153.

Scheel, D. Signal transduction elements. In: *Plant Biotechnology and Transgenic Plants* (Oksman-Caldentey, K.-M., Barz, H. W., eds.) Marcel Dekker, Inc., New York, pp. 427-444.

Scheel, D. & Wasternack, C., eds. *Plant Signal Transduction. Frontiers in Molecular Biology*, Oxford University Press, Oxford.

Scheel, D. & Wasternack, C. Signal transduction in plants: cross talk with the environment. In: *Plant Signal Transduction* (Scheel, D. & Wasternack, C., eds.) Oxford University Press, Oxford, pp. 1-5.

Bücher und Buchkapitel im Druck

Clemens, S., Simm, C. & Maier, T. Heavy metal binding proteins and peptides. In: *Biopolymers, Vol. 7 Polyamides and complex proteinaceous Materials, Part A*, (Fahnestock, S.R., ed.) Wiley-VCH, New York, (2003).

Lee, J. & Nürnberger, T. *Pseudomonas syringae* pathovars and related pathogens. In: *Developments in Plant Pathology*, Vol. 10, (Mansfield, J.W. & Vivian, A., eds.) Kluwer Academic Publishers, Dordrecht.

Neumann, D. Silicon in plants. In: *Progress in Molecular and Subcellular Biology. Silicon Biomineralization*, Vol.28, Springer-Verlag, Wien-New York.

Nürnberger, T. Elicitor-mediated signal transduction in the activation of plant pathogen defense. In: *Plant Hormone Research* Vol. 13, (Bisseling, T. & Schell, J., eds.) Springer-Verlag, Wien-New York.

Abteilung Sekundärstoffwechsel

Im Zentrum unserer Forschungsarbeiten steht die Untersuchung der molekularen Regulationsmechanismen des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels. Dabei konzentrieren wir uns besonders auf die Phenylpropanoide und die Isoprenoide. Die Arbeiten umfassen neben der Isolierung und Charakterisierung von Enzymen und der kodierenden cDNAs auch die Aufklärung der Regulation der zell- und gewebsspezifischen Genexpression. In verschiedenen Projekten werden pflanzliche Transferasen bearbeitet. Dazu gehören sowohl diverse Hydroxyzimtsäure-Glucosyltransferasen, Malat- und Cholin-Hydroxyzimtsäuretransferasen aus *Arabidopsis* und Raps (Arbeitsgruppe „Hydroxyzimtsäuren“) als auch Flavonoid- und Betanidin-Glucosyltransferasen aus Betalain führenden Pflanzen, sowie Methyltransferasen aus dem Eiskraut (*Mesembryanthemum crystallinum*, Arbeitsgruppe „Glycosyltransferasen“).

Weitere Projekte zielen auf die Aufklärung der Rolle pflanzlicher Sekundärstoffe in Interaktionen der Pflanze mit ihrer Umwelt. Die Arbeitsgruppe „Glycosyltransferasen“ beschäftigt sich mit der Induktion der Betacyan- und Flavonoid-Biosynthese durch Starklicht in den Blsenzellen von *Mesembryanthemum crystallinum*. Ein weiterer Schwerpunkt ist die Aufklärung von Veränderungen des Sekundärstoffwechsels und der Rolle von Phytohormonen (Jasmonate) in symbiontischen Wurzel-Pilz-Interaktionen, insbesondere in arbuskulären Mykorrhizen. Zwei Arbeitsgruppen („Molekulare Physiologie der Mykorrhiza“ und „Zellbiologie der Mykorrhiza“) untersuchen Biosynthese (differentielle Genexpression) und Abbau von Carotinoiden sowie Veränderungen zytologischer Strukturen, insbesondere der Plastiden, in mykorrhizierten Wurzeln. Diese Arbeiten werden verstärkt durch eine dritte Gruppe („Biochemie der Mykorrhiza“), in der die Veränderungen der Primär- und Sekundärstoffmuster („Metabolite Profiling“) analysiert werden. Ziel der Projekte an arbuskulären Mykorrhizen ist die Aufklärung der molekularen Interaktionen, die die Entwicklung und die erfolgreiche Etablierung der Symbiose steuern.

Molekulare Physiologie der Mykorrhiza

Gruppenleiter: Michael H. Walter

Doktorand: Joachim Hans

Technische Assistentin: Kerstin Manke

Wissenschaftliche Hilfskraft: Alexander Röhrig

In natürlichen Ökosystemen leben die meisten terrestrischen Pflanzen mit bestimmten Bodenpilzen in einer mutualistischen Symbiose (Mykorrhiza). Bei der arbuskulären Mykorrhiza (AM) kolonisieren Pilze der Ordnung Glomales die innere Wurzelrinde und entwickeln dort haustorienähnliche Organe (Arbuskel), die dem Stoffaustausch dienen. Kolonisierte Wurzeln akkumulieren erhebliche Mengen bestimmter Isoprenoide (Apocarotinoide). Im Rahmen des DFG-Schwerpunktprogramms 1084 konzentriert sich unsere Arbeitsgruppe auf den Biosyntheseweg dieser Metabolite mit dem Ziel, beteiligte Enzyme, Transkripte und Gene zu charakterisieren und über die Abschaltung des Syntheseweges letztlich auch die Rolle der Apocarotinoide in einer funktionellen Mykorrhiza aufzuklären.

Die Arbeiten konzentrieren sich auf die Apocarotinoidbiosynthese in *Medicago truncatula* als Modellpflanze des Schwerpunktprogramms 1084 und in Mais. In *M. truncatula* wurde der erste Syntheseschritt des plastidenlokalisierten Nicht-mevalonat-Weges [Methylerythritolphosphat (MEP)-Weg] zum Isopentenyl-diphosphat, katalysiert durch die 1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Synthase (DXS), analysiert. Durch heterologe Expression von cDNAs in *E. coli*, gefolgt von Aktivitätsmessungen, konnten zwei nur entfernt verwandte DXS-Proteine (DXS1 und DXS2) charakterisiert werden, die zwei unterschiedliche Klassen von DXS-Enzymen und -Genen definieren. Die weite Verbreitung dieser Diversifizierung u. a. in Leguminosen, Solanaceen und Gräsern konnte gezeigt werden. Messbar erhöhte Transkriptionsniveaus im Verlauf der Mykorrhizierung von Wurzeln konnte nur für DXS2 festgestellt werden. DXS1-Gene werden dagegen im wesentlichen in oberirdischen grünen Pflanzenteilen exprimiert, in denen die DXS2-Expression fast völlig fehlt. DXS2 scheint aber an der Biosynthese vieler weiterer sekundärer Isoprenoide (Monoterpene, Diterpene, etc.) beteiligt zu sein. Genomische Klone für DXS2 werden zurzeit charakterisiert. Der nachfolgende Syntheseschritt des MEP-Weges, katalysiert durch die 1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Reductoisomerase (DXR), wurde in Mais untersucht. Immunlokalisation von DXR in mykorrhizierten Wurzeln zeigte eine deutliche Markierung von Plastidennetzwerken, die sich um Arbuskeln herum ausbilden, was die wichtige Rolle von Plastiden in der AM unterstreicht. Für die Immunfärbung von DXR wurde zuvor ein Antikörper gegen rekombinante DXR hergestellt. Weitere Zielobjekte sind die Enzyme der Carotinoidspaltung (Carotinoid spaltende Dioxygenasen). Hier konnten erste Klone isoliert und eine Regulation von Transkriptniveaus durch Mykorrhizierung gezeigt werden. Transgene Ansätze zur Herbeiführung eines Funktionsverlustes von DXS2 über RNAi-Konstrukte in *M. truncatula* sind für die nächste Projektphase geplant.

Zellbiologie der Mykorrhiza

Gruppenleiterin: Bettina Hause

Postdoktoranden: Thomas Fester, Stanislav Isayenkov

Doktorandinnen: Swanhild Lohse, Sara Schaarschmidt

Wissenschaftliche Mitarbeiterin: Carola Tretner

Technische Assistentinnen: Ulrike Hintsche, Gerlinde Waiblinger

Wissenschaftliche Hilfskraft: Madeleine Dietrich

Praktikant/in: Ivo Bertalan, Katja Bier

Bei der Ausbildung der Symbiose zwischen arbuskulären Mykorrhizapilzen und Pflanzen sind pflanzliche Hormone wichtige Regulatoren. Jasmonate gelten als Signale für verschiedene durch Umwelteinflüsse oder innerhalb der pflanzlichen Entwicklung regulierte Prozesse und spielen auch bei der Mykorrhizierung eine Rolle. Die mögliche Funktion dieses Hormons soll bei der Ausbildung der Symbiose zwischen *Medicago truncatula* und *Glomus intraradices* analysiert werden. Als weiterer Schwerpunkt der Arbeiten werden zellbiologische und molekulare Analysen durchgeführt, die die Proliferation der pflanzlichen Plastiden während der Ausbildung und Entwicklung der Mykorrhiza betreffen.

Die Menge endogener Jasmonsäure (JA) steigt in mykorrhizierten Wurzeln gegenüber den Wurzeln nicht-mykorrhizierter Pflanzen deutlich an. Dieser Anstieg ist von einer Expression von Genen begleitet, die für JA-Biosynthesenzyme bzw. für JA-induzierbare Proteine kodieren. Für Gerste konnte mittels *In-situ*-Techniken gezeigt werden, dass die Expression in jenen Zellen stattfindet, die Arbuskeln enthalten. Zeitlich korreliert der JA-Anstieg in den mykorrhizierten Wurzeln jedoch nicht mit der Etablierung der Symbiose. Vielmehr könnte er eine Folge der verstärkten Sink-Wirkung mykorrhizierter Wurzeln (Versorgung des Pilzes mit Kohlenhydraten [KH]) sein. Um mögliche Funktionen der JA bzw. den Einfluss eines veränderten KH-Status zu analysieren, sollen funktionelle Ansätze mittels transgener Pflanzen genutzt werden. Die Überexpression bzw. die Antisense-Expression eines Gens für die JA-Biosynthese in *M. truncatula* soll zu Pflanzen mit verändertem JA-Gehalt führen. Die ersten Primärtransformanten liegen vor und werden nach ihrer Vermehrung zunächst auf veränderte JA-Gehalte getestet. Transgene Tabakpflanzen, die eine Hefe-Invertase induzierbar exprimieren, werden genutzt, um experimentell den KH-Status in mykorrhizierten und nicht-mykorrhizierten Wurzeln zu ändern. Der erwartete Zusammenhang von Mykorrhizierung, verändertem KH-Status und JA-Gehalt sollte durch Veränderungen des Mykorrhizaphänotyps in den transgenen Pflanzen in morphologischer, biochemischer und molekularbiologischer Hinsicht sichtbar werden.

Die Plastiden der Wurzel (Leukoplasten) sind an Prozessen wie der Biosynthese von Fettsäuren, Isoprenoiden, Purinen, Pyrimidinen und Aminosäuren beteiligt. Bei *Nicotiana tabacum* proliferieren sie während der Ausbildung von Arbuskeln stark und legen sich netzwerkartig um die Arbuskeln. Im laufenden Projekt sollen die entsprechenden cytologischen und biochemischen Veränderungen bei *M. truncatula* untersucht werden.

Biochemie der Mykorrhiza

Gruppenleiter: Willibald Schliemann

Wissenschaftlicher Mitarbeiter: Christian Ammer

Doktorand: Lars Seipold

Technische Assistentin: Barbara Kolbe

Die Interaktion von Pilzen der Ordnung Glomales mit Pflanzenwurzeln führt zur Ausbildung der arbuskulären Mykorrhiza. Um diese Symbiose umfassender zu verstehen, werden die Veränderungen in den Primär- und Sekundärmetabolitmustern am Modellsystem *Medicago truncatula*/Glomus intraradices während der Etablierung der Mykorrhiza untersucht. Das Ziel ist die Charakterisierung der kausalen Zusammenhänge zwischen der Mykorrhiza-spezifischen Genexpression und den Metabolitenprofilen. Das „metabolite profiling“ soll auch auf transgene *M. truncatula*-Pflanzen ausgedehnt werden, um die Effekte des Gentransfers auf die Kinetik der Symbioseausbildung und auf phänotypische Veränderungen zu erfassen (in Kooperation mit Projekten des DFG-Schwerpunktprogramms I084).

Für die Metabolitenanalysen wird eine Methodenkombination aus RP-HPLC-PDA, LC-ESI-MS und GC-TOF-MS eingesetzt. Zu Beginn wurden Datenbanken von Referenzverbindungen mittels dieser Methoden angelegt, um die De-replikation der endogenen Verbindungen zu erleichtern. Um die chemische Komplexität des Metaboloms zu reduzieren, wurden sequenzielle Extraktionen lyophilisierten Wurzelmaterials mit Dichlormethan, Aceton und 80% wässrigem Methanol durchgeführt. In diesen Extrakten wurden durch HPLC mehr als 300 Wurzelmetabolite, die Mykorrhiza-induzierte Veränderungen zeigen, detektiert. Durch LC-MS konnte das Vorkommen von Isoflavonoidglucosiden (und ihrer Malonylkonjugate) und Saponinen gezeigt werden. Durch GC-TOF-MS der Dichlormethanextrakte von 12 Wochen alten Wurzeln wurde eine deutliche Mykorrhiza-spezifische Konzentrationserhöhung ungesättigter Fettsäuren nachgewiesen, während andere Fettsäuren im Vergleich zu nichtmykorrhizierten Kontrollen in ihrer Konzentration abnahmen. In allen Extrakten der mykorrhizierten Wurzeln waren die Gehalte einiger Säuren des Primärstoffwechsels (Äpfel-, Milch-, Malon-, Bernstein-, Zitronen- und γ -Aminobuttersäure) erniedrigt. In Zusammenarbeit mit Thomas Fester konnten Mykorrhiza-induzierte Cyclohexenonderivate und das „Gelbe Pigment“ in Wurzelextrakten von *Zea mays*, *Medicago truncatula* und *Ornithogalum umbellatum* (Milchstern) analysiert werden. In letzterem Extrakt wurde eine Gruppe von bisher unbekanntem Apocarotinoiden mit spektralen Eigenschaften des Mycorradicins detektiert, die Präkursoren des komplex zusammengesetzten „Gelben Pigments“ sein könnten.

Zur Bearbeitung der „metabolite profiling“-Daten wurde ein leistungsstarker Computer mit Statistik-Software aus Drittmitteln finanziert, der in Abstimmung mit anderen Gruppen des Instituts, die sich mit vergleichbaren biostatistischen Problemen befassen, zur Auswertung und adäquaten Präsentation der Daten eingesetzt werden wird.

Glycosyltransferasen

Gruppenleiter: Thomas Vogt

Doktorand/in: Judith Hans, Mwafaq Ibdah

Technische Assistentinnen: Dagmar Knöfel, Ute Vinzens

Glycosyltransferasen und O-Methyltransferasen (OMTs) des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels gehören zu Multigenfamilien, die neben anderen modifizierenden Enzymen maßgeblich für die Vielfalt pflanzlicher Naturstoffe verantwortlich sind. Neben biochemischen Fragen zur möglichen Korrelation von Proteinsequenz und Substratspezifität gilt unser Interesse auch den phylogenetischen und zellulären Mechanismen, die für die beobachtete Vielfalt dieser Enzyme verantwortlich sind.

Die polyphylogenetische Herkunft der Glucosyltransferasen (GTs) der Betacyanbiosynthese in *Dortheanthus bellidiformis* (5-GT und 6-GT) von unterschiedlichen regiospezifischen Enzymen der Flavonoidbiosynthese kann aufgrund neuer Sequenzbefunde aus *Beta vulgaris* als weitgehend gesichert gelten. Ein alternativer Weg der Betacyanbildung, die Glucosidierung des *cyclo*-Dopa, konnte durch molekulare und biochemische Arbeiten an den entsprechenden Enzymen von *B. vulgaris* weiter entkräftet werden. Sowohl in den Aizoaceen als auch in den nur entfernt verwandten Chenopodiaceen wird Betanidin durch Flavonoidglucosidierende Enzyme mit identischer Substrat- und Positionsspezifität glucosidiert. Durch eine Fülle von gezielten Mutationen eines dieser Enzyme, der 5-GT, ist es zwar möglich die spezifischen Aktivitäten des Enzyms zu modifizieren bzw. zu inhibieren, aber es erscheint bislang unmöglich die Positionsspezifität durch den Austausch nur einer Aminosäure zu verändern.

Basierend auf Arbeiten zur Akkumulation von komplexen Flavonolkonjugaten aus Licht-gestressten Blattspitzen des Eiskrautes (*Mesembryanthemum crystallinum*) konnte eine neue OMT kloniert und funktionell exprimiert werden, die Flavonoide und zahlreiche andere Substrate an vicinalen Dihydroxygruppen methyliert. Dieses Enzym könnte neben den Licht-induzierten Flavonolaglyka auch die Kaffeesäure-Ester, eine mögliche Vorstufe der in Flavonol- und Betacyanokonjugaten vorkommenden Ferulasäure, methylieren. Das entsprechende Transkript ist, wie erwartet, durch Licht induzierbar. Sequenzvergleiche auf DNA- und Proteinebene belegen, dass diese neue Transferase zu der Klasse der kleinen, monomeren OMTs gehört, die bislang ausschließlich mit der Ligninbiosynthese in Verbindung gebracht wurde.

Hydroxyzimtsäuren

Gruppenleiter: Dieter Strack

Wissenschaftlicher Mitarbeiter: Alfred Baumert

Postdoktorand/in: Carsten Milkowski, Lilian Nehlin

Doktorandinnen: Juliane Mittasch, Diana Schmidt

Technische Assistentin: Ingrid Otschik

Hydroxyzimtsäuren (HCAs) sind zentrale Vorstufen für eine Vielzahl verschiedenartiger sekundärer Pflanzenstoffe, u. a. Flavonoide, Stilbene, Cumarine oder Lignine, kommen aber auch häufig selbst in Form ihrer Ester oder Amide vor. Sie nehmen eine bedeutende Stellung bei Interaktionen der Pflanze mit abiotischen und biotischen Umweltfaktoren ein. Vertreter der Brassicaceen akkumulieren in ihren Samen den Cholinester der Sinapinsäure (Sinapin = Sinapoylcholin) und in ihren Blättern verschiedene Malatester, u. a. Sinapoylmalat. Die Bildung dieser Ester wird über HCA-Acetaester (1-O-Glucoseester) durch spezifische HCA-Transferasen katalysiert. An den Modellsystemen Arabidopsis und Raps wird die Expression der die samenspezifischen Transferasen kodierenden Gene untersucht.

Wesentliche Forschungsprojekte der Arbeitsgruppe werden in einem BMBF-Leitprojekt „NAPUS 2000 – Gesunde Lebensmittel aus transgener Rapsaat“ durchgeführt. Eines der Ziele ist die Konzentrationsabsenkung der antinutritiven Samenkomponente Sinapin. Damit soll erreicht werden, dass hochwertige sinapinfreie Rapsproteine für die menschliche Ernährung verfügbar werden. Basierend auf der cDNA-Sequenz der UDP-Glucose:Sinapinsäure-Glucosyltransferase (SGT) aus Raps und Arabidopsis, die die Bildung der aktivierten Vorstufe für die Sinapin-Biosynthese katalysiert, wurden Vektoren konstruiert, die eine samenspezifische Suppression der SGT durch Doppelstrang-RNA-Interferenz (dsRNAi) ermöglichen sollen. Für die Transformationsexperimente in Raps wurden die Vektoren an Kooperationspartner der Universität Göttingen abgegeben. Die Transformation in Arabidopsis wurde mit Vektoren durchgeführt, die sowohl den samenspezifischen Napin-Promotor als auch den konstitutiven CaMV 35S-Promotor enthielten. Nach einem Selektionsprozess über mehrere Generationen konnten reinerbige Pflanzen erhalten werden. Die Samen der T3-Pflanzen werden zur Zeit analysiert.

Die Isolierung der 1-O-Sinapoylglucose:Cholin-Sinapoyltransferase (SCT) kodierenden cDNA wurde abgeschlossen. Mittels „RACE“-PCR („rapid amplification of cDNA ends“) konnte die „full-length“-Sequenz der SCT erhalten werden. Erste Expressionsstudien mit *E. coli* führten bisher nur zu inaktiver SCT in „inclusion bodies“.

Zur Klärung der Frage, in welchen Stadien der Samenreifung bzw. Samenkeimung die Genexpression der SGT und die Akkumulation der Produkte (und ihre mögliche Suppression) stattfinden, wurden in verschiedenen Entwicklungsstadien Expressionsanalysen, Enzymaktivitätsmessungen und Metabolitenanalysen durchgeführt.

Publikationen

Bachmann, A., Hause, B., Maucher, H., Garbe, E., Weichert, H., Wasternack, C. & Feussner, I. Jasmonate-induced lipid peroxidation in barley leaves initiated by distinct 13-LOX forms of the chloroplast. *Biol. Chem.* **383**, 1645–1657.

Chen, Y., Peumans, W. J., Hause, B., Bras, J., Kumar, M., Proost, P., Barre, A., Rougé, P. & Van Damme, E. J. M. Jasmonic acid methyl ester induces the synthesis of a cytoplasmic/nuclear chito-oligosaccharide binding lectin in tobacco leaves. *FASEB J.* **16**, 905–907 (U225-251).

Fester, T., Hause, B., Schmidt, D., Halfmann, K., Schmidt, J., Wray, V., Hause, G. & Strack, D. Occurrence and localization of apocarotenoids in arbuscular mycorrhizal plant roots. *Plant Cell Physiol.* **43**, 256–265.

Fester, T., Kiess, M. & Strack, D. A mycorrhiza-responsive protein in wheat roots. *Mykorrhiza* **12**, 219–222.

Fester, T., Schmidt, D., Lohse, S., Walter, M. H., Giuliano, G., Bramley, P.M., Fraser, P.D., Hause, B. & Strack, D. Stimulation of carotenoid metabolism in arbuscular mycorrhizal roots. *Planta* **216**, 148–154.

Hause, B., Maier, W., Miersch, O., Kramell, R. & Strack, D. Induction of jasmonate biosynthesis in arbuscular mycorrhizal barley roots. *Plant Physiol.* **130**, 1213–1220.

Hause, B., Meyer, K., Viitanen, P. V., Chapple, C. & Strack, D. Immunolocalization of 1-O-sinapoylglucose:malate sinapoyltransferase in *Arabidopsis thaliana*. *Planta* **215**, 26–32.

Ibdah, M., Krins, A., Seidlitz, H., Heller, W., Strack, D. & Vogt, T. Spectral dependence of flavonol and betacyanin accumulation in *Mesembryanthemum crystallinum* under enhanced UV radiation. *Plant Cell Environm.* **25**, 1145–1154.

Landtag, J., Baumert, A., Degenkolb, T., Schmidt, J., Wray, V., Scheel, D., Strack, D. & Rosahl, S. Accumulation of tyrosol glucoside in transgenic potato plants expressing a parsley tyrosine decarboxylase. *Phytochemistry* **60**, 683–689.

Van Damme, E. J. M., Hause, B., Hu, J., Barre, A., Rougé, P., Proost, P. & Peumans, W. J. Two distinct jacalin-related lectins with a different specificity and sub-cellular location are major vegetative storage proteins in the bark of the mulberry (*Morus nigra*) tree. *Plant Physiol.* **130**, 757–769.

Vogt, T. Substrate specificity and sequence analysis define a polyphyletic origin of betanidin 5- and 6-O-glucosyltransferase from *Dorotheanthus bellidiformis*. *Planta* **214**, 492–495.

Walter, M. H., Hans, J. & Strack, D. Two distantly related genes encoding 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthases: differential regulation in shoots and apocarotenoid-accumulating mycorrhizal roots. *Plant. J.* **31**, 243–254.

Wasternack, C. & Hause, B. Jasmonates and octadecanoids – signals in plant stress response and development. *Progr. Nucl. Acid Research* **72**, 165–221.

Publikationen im Druck

Cacace, S., Schröder, G., Wehinger, E., Strack, D., Schmidt, J. & Schröder, J. A flavonol O-methyltransferase from *Catharanthus roseus* performing two sequential methylations. *Phytochemistry* **62**, 127-138 (2003).

Eckermann, C., Schröder, G., Eckermann, S., Strack, D., Schmidt, J., Schneider, B. & Schröder, J. Stilbenecarboxylate biosynthesis: a new function in the family of chalcone synthase-related proteins. *Phytochemistry* **62**, 271-286 (2003).

Krajinski, F., Hause, B., Gianinazzi-Pearson, V. & Franken, P. *Mth1*, an arbuscule cell-specific plasma membrane H⁺-ATPase gene from *Medicago truncatula*. *Plant Biol.*

Opitz, S., Schnitzler, J.-P., Hause, B. & Schneider, B. Histochemical analysis of phenylphenalenone-related compounds in *Xiphidium caeruleum* (Haemodoraceae). *Planta*.

Peng, Z. F., Strack, D., Baumert, A., Subramaniam, R., Goh, N. K., Chia, T. F., Tan, S. N. & Chia, L. S. Antioxidant flavonoids from leaves of *Polygonum hydro-piper* L. *Phytochemistry* **62**, 16-21 (2003).

Proels, R.K., Hause, B. & Roitsch, T. Novel mode of hormone induction of tandem tomato invertase genes in floral tissues. *Plant Mol. Biol.*

Stenzel, I., Hause, B., Maucher, H., Pitzschke, A., Miersch, O., Ziegler, J., Ryan C.A. & Wasternack, C. Allene oxide cyclase dependence of the wound response and vascular bundle-specific generation of jasmonates in tomato-amplificationin wound signalling. *Plant J.* **33**, 577-589 (2003).

Stenzel, I., Hause, B., Miersch, O., Kurz, T., Maucher, H., Weichert, H., Ziegler, J., Feussner, I. & Wasternack, C. Jasmonate biosynthesis and the allene oxide cyclase family of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Mol. Biol.*

Strack, D., Vogt, T. & Schliemann, W. Recent advances in betalain research. *Phytochemistry* **62**, 247-269 (2003).

Bücher und Buchkapitel im Druck

Stenzel, I., Hause, B., Feussner, I. & Wasternack, C. Transcriptional activation of jasmonate biosynthesis enzymes is not reflected at protein level. In: *Advanced Research on Plant Lipids*. (Murata, N., Yamada, M., Nishida, I., Okuyama, H., Sekiya, J., Hajime, W., eds.) Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (2003).

Stumpe, M., Stenzel, I., Weichert, H., Hause, B. & Feussner, I. The lipoxygenase pathway in mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. In: *Advanced Research on Plant Lipids* (Murata, N., Yamada, M., Nishida, I., Okuyama, H., Sekiya, J., Hajime, W., eds.) Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (2003).

Thorson, J. & Vogt, T. Glycosylated natural products. In: *Carbohydrate-based Drug Discovery* (Wong, C.-H., ed.) Wiley-VCH, Weinheim (2003).

Wissenstransfer aus Denkkzellen und Laboren

Leiterin: Sylvia Pieplow

Assistentin & Webmasterin: Jana Krupik

„Analytica 2002“ im April

Auch im Jahre 2002 haben die Forscher des IPB wieder eindrucksvoll bewiesen, dass sie gern bereit und in der Lage sind, verantwortungsvoll mit ihrem Wissen umzugehen und es mit anderen zu teilen. Öffentlichkeitswirksame Veranstaltungen wurden mit Sorgfalt geplant und gestaltet. Im April beteiligte sich das IPB erneut an der „Analytica 2002“ in München. Vorgestellt wurden Projekte zur Wirkstoffsynthese bei Cannabis-Pflanzen (Dr. Jonathan Page) sowie die Erforschung pflanzlicher Schutzmechanismen gegen Krankheitserreger und andere stressauslösende Umweltfaktoren (Dr. Udo Roth).

Wissen für Lehrer im Mai

Auf großes Interesse stieß das Fortbildungsseminar der Centralen Marketing-Gesellschaft der deutschen Agrarwirtschaft mbH (CMA). Unter dem Motto „Grüne Gentechnik – Chancen und Risiken“ durften 24 Biologie- und Chemielehrer aus Halle und dem Saalkreis in unseren Räumlichkeiten noch einmal die Schulbank drücken. Die Veranstaltung am 15. Mai wurde von unserer Abteilung Öffentlichkeitsarbeit organisiert und vorbereitet.

Zehn Jahre IPB – Rückblick, Vorschau und Grund zum Feiern

Ereignis des Jahres war für viele Mitarbeiter das zehnjährige Gründungsjubiläum des IPB am 24. Mai. Auf einer offiziellen Festveranstaltung verwies der Geschäftsführende Direktor Professor Dierk Scheel in seiner Eröffnungsrede auf die langjährige und sehr erfolgreiche wissenschaftliche Tradition des Institutes. Besondere Gäste wie Frau Dr. Christine Blaszcok vom Kultusministerium Sachsen-Anhalt, Rainer Gross vom Bundesministerium für Bildung und Forschung sowie Professor Hanns-Henning Scheich von der Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried-Wilhelm-Leibniz (WGL) überbrachten ihre ganz persönlichen Grußworte und Glückwünsche. Rainer Tepasse sprach im Namen der Stadt Halle und Professor Wilhelm Boland vertrat den Wissenschaftlichen Beirat des Institutes. Wissenschaftliche Vorträge von Professor Lutz Tietze aus Göttingen, Professor Thomas Boller aus Basel und Professor Thomas Hartmann aus Braunschweig bereicherten das Programm. Für die musikalisch festliche Umrahmung sorgte das Kammerorchester der Martin-Luther-Universität unter Leitung von Matthias Erben. Etwas weniger formell gestaltete sich die Party danach, auf der alle Mitarbeiter und Gäste diesen ereignisreichen Tag ausklingen ließen.

Universitätsstadtfest im Juni

Auf dem Universitätsstadtfest, anlässlich der 500-Jahrfeier der Martin-Luther-Universität war auch das IPB mit von der Partie. In einem Ausstellungszelt auf dem Marktplatz konnten die Besucher einen Blick durchs Mikroskop werfen. Gezeigt wurden Wurzelzellen von Pflanzen, die in enger Symbiose mit einem Pilz leben. Eindrucksvoll waren auch die Computersimulationen, mit denen man Aussagen über bestimmte Bindungseigenschaften von Proteinen treffen kann.

Ehrung von Professor Benno Parthier im August

Anlässlich seines 70. Geburtstages wurde für Professor Benno Parthier am 30. August ein Festkolloquium ausgerichtet. Herr Parthier, ehemaliger Präsident der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina, erwarb als langjähriger Mitarbeiter des Institutes auf dem Gebiet der Pflanzenhormone internationale wissenschaftliche Anerkennung. Von 1990 bis zu seiner Emeritierung 1997 war er Geschäftsführender Direktor des IPB.

Oberbürgermeisterin Ingrid Häußler besucht das IPB

Obleich auf dem Campus etwas abseits gelegen – für die Forschungslandschaft der Region ist das IPB eine prägende Komponente. Davon überzeugte sich am 11. September auch Halles Oberbürgermeisterin Ingrid Häußler. Auf einer Führung durch die Labore, Gewächshäuser und angrenzende Gartenflächen konnte die promovierte Chemikerin sich ein Bild über Leben und Arbeiten am Institut machen.

Lange Nacht der Wissenschaften im September

Dass viele Leute an der regionalen Forschung interessiert sind, bewies die Lange Nacht der Wissenschaft am 20. September. Über 300 Gäste aus Halle und dem Saalkreis besuchten das IPB an diesem Tag bis Mitternacht. Besonders begehrt waren die Führungen durch die Labore und Gewächshäuser im Halbstundentakt. Unter dem Motto „Blick ins Innere der Pflanze“ konnten die Interessenten kleine Experimente machen, unsere farbenprächtigen Zellkulturen bestaunen oder sich die komplizierte Klaviatur des Konfokalen Laser Scanning Mikroskopes demonstrieren lassen. Die Lange Nacht der Wissenschaft fand in diesem Jahr zum ersten Mal in Halle statt. Wegen der überaus großen Resonanz an allen beteiligten Instituten soll sie zur festen Tradition in der Saalestadt werden.

Vorstellung der WGL in Brüssel

Zu einem zwanglosen „Vorstellungsgespräch“ traten Vertreter der WGL am 1. Oktober ihre Reise nach Brüssel an. Die Veranstaltung sollte unter anderem dazu dienen, den Stellenwert der Wissenschaftsgemeinde in der europäischen Forschungslandschaft zu erhöhen. Die Vorstellung ausgewählter Leibniz-Institute stieß bei den EU-Kommissaren und geladenen Politikern auf großes Interesse. Professor Dieter Strack vertrat das IPB mit einem Poster über Schwermetallstress bei Pflanzen.

Ehrung von Professor Günter Adam im Dezember

Am 12. Dezember wurde am IPB ein zweiter Jubilar gefeiert. Professor Günter Adam, langjähriger Leiter der Forschungsabteilung Naturstoffchemie, ist im Dezember 70 Jahre alt geworden. Herr Adam hat mit seinem Wirken wesentlich zum hervorragenden Ruf des Institutes beigetragen. Seine Arbeiten zur Struktur und Biosynthese pflanzlicher Steroidhormone erzielten weltweite Anerkennung. Das IPB richtete ihm zu Ehren ein Festkolloquium aus, das mit mehreren wissenschaftlichen Vorträgen bereichert wurde.

Schülerführungen und Schülerpraktika

Für Schülerführungen durchs Institut ist das IPB mittlerweile eine bekannte Adresse in Halle. Auch im Jahr 2002 fanden wieder mehrere der beliebten „Schnupperwanderungen“ durchs Haus statt. Hervorzuheben ist das Engagement von Dr. Thomas Fester. Herr Fester hat im Rahmen einer Besonderen Lernleistung zwei Schülerinnen des Georg Cantor Gymnasiums betreut. Die Projektarbeit über Mykorrhiza bei Orchideen dauerte insgesamt ein Jahr.

Pressemitteilungen

- 21.05.2002 - IPB feiert sein 10jähriges Gründungsjubiläum
- 27.08.2002 - IPB ehrt langjährigen Direktor Prof. Dr. Benno Parthier
- 18.09.2002 - Lange Nacht der Wissenschaften „Blick ins Innere der Pflanze“
- 09.12.2002 - Festveranstaltung zu Ehren von Professor Adam
- 09.12.2002 - Pflanzliche „Staubsauger“ ziehen Schwermetalle aus dem Boden

Übersicht Haushalts- und Drittmittel 2002

	in Mio. €	in %
Haushalt		
Grundfinanzierung		
Personalausgaben	4,6	38,4
Sachausgaben	2,1	17,5
Zuweisungen / Zuschüsse	0,1	0,8
Investitionen	3,1	25,8
HWP	0,4	3,2
Zwischensumme:	10,3	
Drittmittelfinanzierung		
BMBF	0,7	5,8
MK-LSA	0,1	0,8
DFG	0,5	4,2
Industrie	0,1	0,8
EU	0,2	1,7
Sonstige	0,1	0,8
Zwischensumme:	1,7	
Gesamtsumme:	12,0	100,0
Investitionshaushalt		
Großgeräteinvestition gesamt:	2,2	
Bauinvestitionen gesamt:	0,9	
Summe:	3,1	

Drittmiteinsatz (Stand 31.12.2002)

Projekt (Projektleiter)	Gesamt- laufzeit	Zuwen- dungs-/ Auftrag- geber	Anteil 2002 (in €)	Bewilligte Personalstellen
Abt. Naturstoff-Biotechnologie				
Jasmonat-Biosyntheseregulation (Prof. C. Wasternack & O. Miersch)	99/04	DFG	24.700	1
Glutamat-Cyclase (Prof. C. Wasternack)	01/03	Probiodrug	9.600	0
Allenoxidcyclase (Prof. C. Wasternack)	01/02	Firmenich	16.000	1
<i>Papaver somniferum</i> (Prof. T. Kutchan)	01/02	DFG	2.700	1
Funktionelle Genomforschung (G. Herrmann)	00/02	DFG	10.500	0
Analysis of genes (Prof. T. Kutchan)	00/02	Icon Genetics	38.300	1
Molekular genetics of isoquinoline alk.biosynth. (Prof. T. Kutchan)	01/04	DFG	50.000	1
Zellulärer Signaltransfer (Forscher- gruppe) (Prof. T. Kutchan)	02/04	DFG / MLU	24.100	2
Transformation <i>Papaver somniferum</i> (S. Frick)	02/03	DFG	57.300	2
Transgene Jasmonatmodulation (C5) (Prof. C. Wasternack & O. Miersch)	02/04	SFB	60.600	1
Zwischensumme:			293.800	10
Abt. Natur- und Wirkstoffchemie				
HEA(N)THOS (Prof. L. Wessjohann)	00/03	BMBF	82.000	2
COMBIOCAT (Prof. L. Wessjohann)	01/04	EU	60.600	2
EPILA (W. Brandt)	01/03	EU	6.800	2
PROBRAL (Prof. L. Wessjohann)	02/03	DAAD	8.800	0
Chrom-(II)-vermittelte Reaktionen (Prof. L. Wessjohann)	02/03	DAAD	5.700	0
Daimler-Benz-Forschungsstipendium (N. Arnold)	02	D-B Stiftung	1.700	1
Zwischensumme:			165.600	7

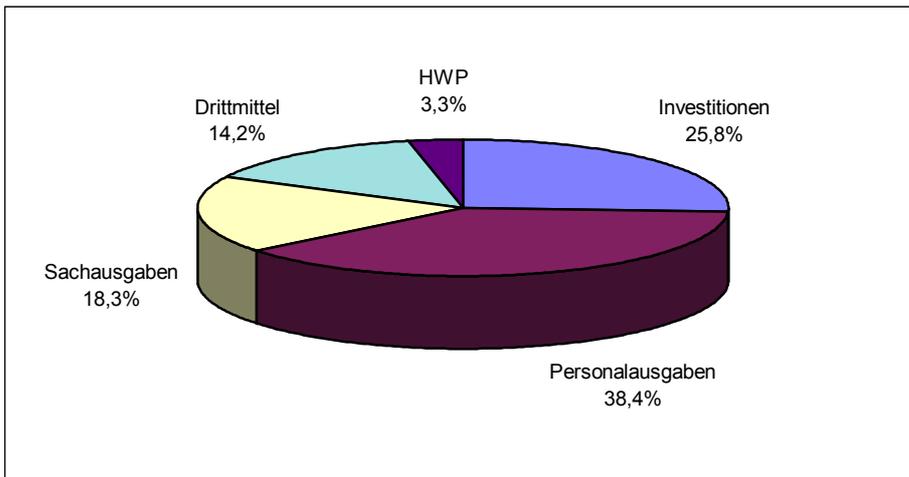
Projekt (Projektleiter)	Gesamt- laufzeit	Zuwendungs-/ Auftrag- geber	Anteil 2002 (in €)	Bewilligte Personalstellen
Abt. Stress- und Entwicklungsbiologie				
Schwermetalltoleranz (B-20) (D. Neumann, S. Clemens)	02/04	SFB 363	33.000	1
Signaltransduktion (C-9) (Prof. D. Scheel)	02/04	SFB 363	14.600	1
CRISP (Prof. D. Scheel)	01/04	EU	48.100	1
Schwermetalltoleranz (U. zur Nieden)	00/04	MK-LSA	21.600	1
Erzeugung von Nichtwirtsresistenz (T. Nürnberger)	98/02	KWS	13.800	1
Abwehrjasmonat (Prof. D. Scheel)	01/03	DFG	11.300	1
Jasmonat-insensitive Mutante (Prof. D. Scheel)	99/02	MK-LSA	13.400	1
<i>Arabidopsis halleri</i> (S. Clemens)	00/03	DFG	31.500	1
METALLOPHYTES (S. Clemens)	01/03	EU	36.300	1
Biominalisation (D. Neumann)	01/03	DFG	29.100	1
Humboldt-Forschungsstipendium (Prof. D. Scheel)	01/02	Humb.- Stiftg.	1.500	0
Partnerschaftsvorhaben Südafrika (T. Nürnberger)	01/04	VW-Stiftung	28.700	0
NODO (S. Rosahl)	02/04	EU	50.700	1
<i>Arabidopsis proteome</i> (T. Nürnberger)	02/04	DFG	47.600	2
Interaktionen <i>Arabidopsis thaliana</i> (Prof. D. Scheel)	01/02	BASF	10.900	0
Bioinformatik und Massenspektro- metrie (Prof. D. Scheel)	02/07	BMBF	100.000	6
GABI-NONHOST (Prof. D. Scheel)	02/06	BMBF	109.700	4
Pathogenabwehr in <i>Arabidopsis thaliana</i> (S. Rosahl)	02	MK-LSA	10.800	0
Zwischensumme:			612.600	23

Projekt (Projektleiter)	Gesamt- laufzeit	Zuwen- dungs-/ Auftrag- geber	Anteil 2002 (in €)	Bewilligte Personalstellen
Abt. Sekundärstoffwechsel				
Betanidin-Glucosyltransferasen (T. Vogt, Prof. D. Strack)	01/03	DFG	26.900	2
Isoprenoidstoffwechsel (M. Walter, T. Fester)	00/04	DFG	30.500	1
NAPUS 2000 (Prof. D. Strack)	99/04	BMBF	192.900	2
Jasmonate bei Ausbildung von My- korrhiza (B. Hause)	00/04	DFG	36.800	1
Mykorrhizaspez. Carotinoïdsynthese (T. Fester)	00/04	DFG	37.300	1
Metabolite profiling (W. Schliemann)	02/04	DFG	24.400	1
Phytochemistry (Prof. D. Strack)	02/04	Elsevier	8.000	1
Gentechn. Veränderung von <i>Medica- go truncatula</i> (B. Hause)	02	MK-LSA	47.300	0
Zwischensumme:			404.100	9
Wissenschaftlicher Querschnitt				
GABI-Verbundprojekt Abt. Stress- u. Entwicklungsbiologie Abt. Natur- u. Wirkstoffchemie (S. Clemens)	00/04	BMBF	193.300	4
HUMULUS (Prof. L. Wessjohann)	01/02	Hopsteiner	9.900	0
Zwischensumme:			203.200	4
Summe der bewilligten Projekte:			1.679.300	53

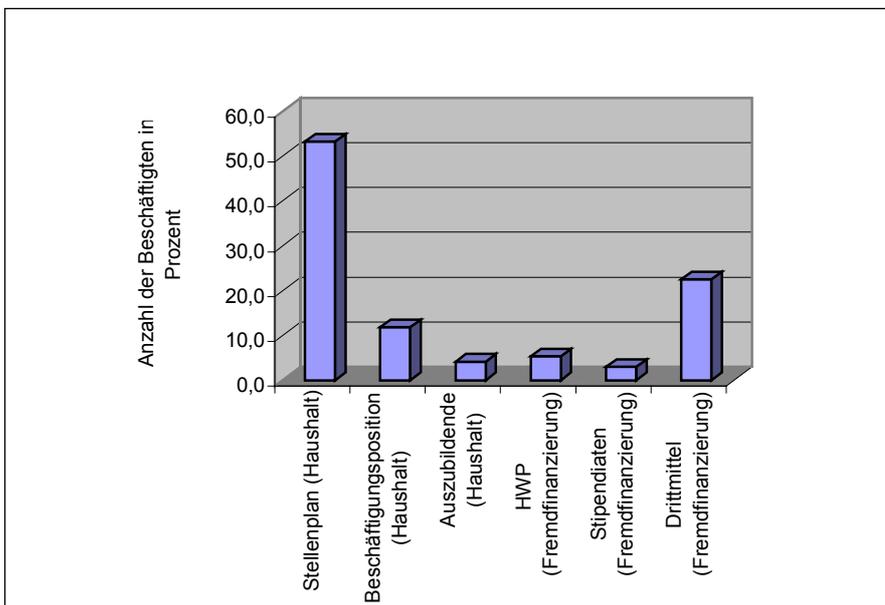
Stellenplan 2002

Anzahl der Mitarbeiter im Jahresdurchschnitt:	169
Anteil der Vollbeschäftigten:	75 %
Anteil der Teilzeitbeschäftigten:	25 %
Anzahl der Planstellen:	92
Beschäftigungspositionen Haushalt:	20
Anzahl der Mitarbeiter über Drittmittel im Durchschnitt:	38
Anzahl der Mitarbeiter über HWP:	9
Anteil der weiblichen Beschäftigten:	61 %
Fluktuationsrate:	13 %
Durchschnittsalter aller Beschäftigten:	39 Jahre
Berufsausbildung:	
- im kaufmännischen Bereich:	2
- in der Gärtnerei:	3
- in der Bibliothek:	2
erfolgreiche Berufsabschlüsse im Jahr 2001:	keine Abschlüsse
Anzahl der Auszubildenden im Durchschnitt:	7
Anzahl der Gastwissenschaftler (inkl. Stipendiaten):	ca. 20 Mitarbeiter im Durchschnitt

Schematische Darstellung des Haushaltes



Beschäftigungsgruppen und Finanzierungsgrundlage



Gastwissenschaftler

Im Durchschnitt hielten sich ca. 20 **Gastwissenschaftler** am Institut auf, darunter auch Stipendiaten.

<p>Abt. Naturstoff-Biotechnologie</p>	<p>Dr. Maged Abou-hasem (01.07.2002 – 22.10.2002), Ägypten</p> <p>Dr. Kum-Boo Choi (seit 07.10.2002), Korea</p> <p>Anastasia Tkatcheva (01.01.2002 – 28.02.2002), Kanada</p> <p>Prof. Luc Varin (seit 01.10.2002), Kanada</p> <p>Dr. Ana Vigliocco (01.04.2002 – 31.05.2002), Argentinien</p> <p>Dr. Bathany Zolmann (15.08.2002 – 31.10.2002), USA</p>
<p>Abt. Natur- & Wirkstoffchemie</p>	<p>Prof. Dr. Antonio Luiz Braga (06.04.2002 – 21.04.2002), Brasilien</p> <p>Marco Aurelio Dessoy (01.01.2002 – 30.04.2002), Brasilien</p> <p>Csongor Hajdu (19.08.2002 – 18.12.2002), Ungarn</p> <p>Dubravko Jelic (10.03.2002 – 23.03.2002), Kroatien</p> <p>Myint Myint Khine (seit 04.09.2002), Myanmar (Burma)</p> <p>Lazlo Merczs (10.11.2002 – 11.12.2002), Ungarn</p> <p>Prof. Dr. Károly Micskei (17.06.2002 – 26.06.2002), Ungarn</p> <p>Prof. Dr. Tamás Patony (13.10.2002 – 22.10.2002), Ungarn</p> <p>Prof. Dr. Luay Rashan (01.07.2002 – 31.08.2002), Jordanien</p> <p>Dr. Oscar Dorneles Rodriguez (01.04.2002 – 30.09.2002), Brasilien</p> <p>Lars Seipold (01.01.2002 – 31.05.2002), Deutschland</p>

Abt. Natur- & Wirkstoffchemie	Prof. Tran Van Sung (01.07.2002 – 18.12.2002), Vietnam Trin Thi Thuy (01.01.2002 – 19.11.2002), Vietnam Nguyen Hong Thi Van (seit 01.04.2002), Vietnam Larissa Vasilets (seit 28.11.2002), Russland
Abt. Stress- & Entwicklungsbiologie	Reeta Ahlfors (seit 08.07.2002), Finnland Dr. Emiko Harada (seit 22.02.2002), Japan Dr. Magdalena Krzymowska (01.08.1999 – 30.06.2002), Polen Srprya Paranthaman (25.10.2002 – 20.12.2002), Indien
Abt. Sekundärstoffwechsel	Diana Schmidt (seit 01.08.2001), Deutschland

Impressum

Herausgeber: Institut für Pflanzenbiochemie (IPB)
Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
Weinberg 3
06120 Halle (Saale)

Telefon: (03 45) 55 82 11 10

Fax: (03 45) 55 82 11 19

E-Mail: pr@ipb-halle.de

Redaktion: Sylvia Pieplow, Jana Krupik

Texte: Für den Inhalt der wissenschaftlichen Texte sind die jeweiligen
Abteilungs- und Gruppenleiter verantwortlich; weitere Texte:
Sylvia Pieplow & Prof. Dierk Scheel

Layout: Jana Krupik

Alle Rechte vorbehalten. Diese Publikation sowie Teile derselben sind urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung in anderen als den gesetzlich zugelassenen Fällen ist ohne vorherige schriftliche Zustimmung des Herausgebers nicht zulässig. Alle Angaben von Daten und alle Literaturangaben in diesem Bericht beziehen sich, soweit nicht ausdrücklich anders erwähnt, auf das Jahr 2002.

© 2003 Institut für Pflanzenbiochemie, Halle (Saale)