



LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE

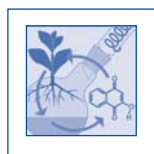
# JAHRESBERICHT 2005

Weinberg 3  
06120 Halle (Saale)

Tel.: (03 45) 55 82 11 10  
Fax: (03 45) 55 82 11 09

[www.ipb-halle.de](http://www.ipb-halle.de)

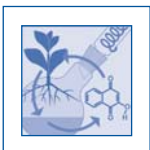
## Inhaltsverzeichnis



- 4 ■ Vorstellung und Entwicklung des Instituts
- 8 ■ Organe des Instituts  
*Direktorium, Stiftungsrat, Wissenschaftlicher Beirat, Wissenschaftlicher Institutsrat, Mitarbeiter in speziellen Funktionen, Personalrat*
- 10 ■ Organigramm
- 
- 11 ■ **Abteilung Naturstoff-Biotechnologie**  
*Leiterin: Professor Toni M. Kutchan*
- 12 ■ AG Alkaloidbiosynthese  
*Leiterin: Toni M. Kutchan*
- 13 ■ AG Schlafmohn-Biotechnologie  
*Leiterin: Susanne Frick*
- 14 ■ AG Jasmonat-Wirkungsweise  
*Leiter: Claus Wasternack & Otto Miersch*
- 15 ■ AG Papaver Genexpressionsanalyse  
*Leiter: Jörg Ziegler*
- 16 ■ Publikationen der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie
- 
- 18 ■ **Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie**  
*Leiter: Professor Ludger Wessjohann*
- 19 ■ AG Synthese & Methodenentwicklung  
*Leiter: Ludger Wessjohann & Bernhard Westermann*
- 20 ■ AG Isoprenoide  
*Leiter: Ludger Wessjohann*
- 21 ■ AG Pflanzen- und Pilzinhaltsstoffe / Mikroanalytik  
*Leiter: Norbert Arnold & Jürgen Schmidt*
- 22 ■ AG Strukturanalytik & Computerchemie  
*Leiter: Wolfgang Brandt & Andrea Porzel*
- 23 ■ Publikationen der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie
- 
- 25 ■ **Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie**  
*Leiter: Professor Dierk Scheel*
- 26 ■ AG Molekulare Kommunikation in Pflanze-Pathogen-Interaktionen  
*Leiter: Wolfgang Knogge*
- 27 ■ AG Zelluläre Signaltransduktion  
*Leiter: Dierk Scheel & Justin Lee*

AG Induzierte Pathogenabwehr ■ <i>Leiter: Dierk Scheel &amp; Sabine Rosahl</i>	28
AG Metallhomöostase ■ <i>Leiter: Stephan Clemens</i>	29
AG Bioinformatik & Massenspektrometrie ■ <i>Leiter: Steffen Neumann</i>	30
<i>Metabolite Profiling in Arabidopsis und Nutzpflanzen, GABI</i> ■ <i>Leiter: Stephan Clemens &amp; Dierk Scheel</i>	31
Publikationen der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie ■	32
<b>Abteilung Sekundärstoffwechsel</b> ■ <i>Leiter: Professor Dieter Strack</i>	33
AG Phenylpropanstoffwechsel ■ <i>Leiter: Dieter Strack &amp; Carsten Milkowski</i>	34
AG Molekulare Physiologie der Mykorrhiza ■ <i>Leiter: Michael H. Walter</i>	35
AG Zellbiologie der Mykorrhiza ■ <i>Leiterin: Bettina Hause</i>	36
AG Metabolite Profiling & Enzymbiochemie ■ <i>Leiter: Willibald Schliemann</i>	37
Publikationen der Abteilung Sekundärstoffwechsel ■	38
<b>Abteilung Administration, Zentrale Dienste &amp; Technik</b> ■ <i>Leiter: Lothar Franzen</i>	39
Mitarbeiter der Abteilung ■	40
Stellenplan ■	41
Haushalts- und Drittmittel ■	42
Drittmiteleinsatz ■	43
Finanzierungsübersicht ■	46
Mitwirkung des IPB an nationalen und internationalen Forschungsnetzwerken ■	47
Gastwissenschaftler ■	48
Seminare und Kolloquien 2005 ■	49
<b>Presse- und Öffentlichkeitsarbeit</b> ■ <i>Leiterin: Sylvia Pieplow</i>	51
Medienpräsenz des IPB ■	54
Anfahrt und Impressum ■	56





## Vorstellung und Entwicklung des Instituts

### Vorstellung des Instituts

Das Institut für Pflanzenbiochemie in Halle (Saale) wurde am 01.01.1992 als außeruniversitäres Forschungsinstitut der so genannten *Blauen Liste* gegründet. Aus dem Zusammenschluss der *Blaue-Liste-Institute* entstand 1995 die *Wissenschaftsgemeinschaft Blaue Liste (WBL)*, die sich im Oktober 1997 in *Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL)* umbenannt und umorganisiert hat. Das IPB gehört zur Sektion Lebenswissenschaften der WGL. Das Vorgängerinstitut 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 92 Mitarbeiter aus Haushaltsmitteln und weitere 46 über Drittmittelfinanzierung beschäftigt wurden. Das Forschungsprofil des Instituts 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 Strukturaufklärung, 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 interorganismer 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.

## Vorstellung und Entwicklung des Instituts

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.

### **Wissenschaft im Berichtsjahr**

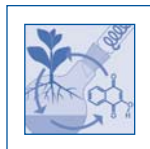
Zu den wissenschaftlichen Höhepunkten des Berichtsjahres, die traditionell in einem *Highlights Flyer* verständlich dargestellt werden, gehörte in der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie der Nachweis, dass die koordiniert regulierte Synthese der Alkaloide des Schlafmohns in unterschiedlichen Zelltypen stattfindet. Diese räumliche Trennung von Biosyntheseschritten erfordert den interzellulären Transport von Zwischenprodukten und einen definierten Differenzierungszustand der beteiligten Zellen.

Die Arbeitsgruppe *Isoprenoide* der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie entwickelte ein inzwischen patentiertes Verfahren, das erlaubt, 8-Prenylnaringenin aus dem verfügbaren Hopfenprodukt Xanthohumol zu isolieren. Dieser Hopfeninhaltsstoff, der auch im Bier zu finden ist, ist das stärkste Phytoestrogen und hat ein interessantes pharmakologisches Profil.

Auf der Suche nach neuen Elementen der Signaltransduktionsketten, die bei der pflanzlichen Abwehr von Bedeutung sind, wurden in der Arbeitsgruppe *Zelluläre Signaltransduktion* der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie erstmals im pflanzlichen Forschungsbereich erfolgreich Proteinarrays eingesetzt. Diese enthielten 1700 Arabidopsis-Proteine, mit denen Proteinkinase-Reaktionen durchgeführt wurden, um Substrate für diese Enzyme zu identifizieren.

Die Arbeitsgruppe *Zellbiologie der Mykorrhiza* der Abteilung Sekundärstoffwechsel untersucht die Funktion zellulärer Organellen bei der Etablierung der Symbiose zwischen Pflanzen und arbuskulären Mykorrhizapilzen. Die Ergebnisse zeigten, dass es während dieser interorganismischen Wechselwirkung zu einer dramatischen Vermehrung der Plastiden kommt. Das ist verbunden mit der Biosynthese von Fettsäuren, Aminosäuren und Carotinoidabkömmlingen, deren Funktion noch aufgeklärt werden muss.

Wissenschaftler des IPB haben in einer Vielzahl von nationalen und internationalen Forschungsnetzwerken mitgewirkt und sind in Kooperation mit der Martin-Luther-Universität am SFB 648 *Molekulare Mechanismen der Informationsverarbeitung in Pflanzen*, am Exzellenznetzwerk *Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung* und an mehreren Graduiertenprogrammen beteiligt.



Im Berichtsjahr standen mit 1.840.859 Euro deutlich mehr Drittmittel zur Verfügung als im Vorjahr (1.529.450 Euro), wobei die über Graduiertenprogramme eingeworbenen Mittel darin nicht enthalten sind, da diese über die Universität verwaltet werden. Die Drittmittel stammten vorwiegend von der DFG, dem BMBF, der Europäischen Kommission und aus Industriekooperationen. Das IPB beteiligt sich an der China-Initiative der Leibniz-Gemeinschaft und ist an einem Leibniz-Projekt des Pakts für Forschung und Innovation beteiligt.

Auch im vergangenen Jahr kam aus dem Institut eine kontinuierlich hohe Anzahl von Publikationen (2004, 58 Originalpublikationen; 2005, 66) in guten bis sehr guten Fachjournalen, darunter *Science*, *Proceedings of the National Academy of Science USA*, *Journal of Biological Chemistry*, *Journal of Organic Chemistry* und *Molecular and Cellular Proteomics*.

Die Zusammenarbeit zwischen dem IPB und der Martin-Luther-Universität ist neben der erwähnten Beteiligung an SFB, Exzellenznetzwerk und Graduiertenprogramm durch die gemeinsamen Berufungen der vier Abteilungsleiter und über vielfältige Mitwirkung von Wissenschaftlern des IPB an der Lehre der Fachbereiche Biologie, Chemie, Biochemie/Biotechnologie und Pharmazie gegeben.

Ein Höhepunkt der wissenschaftlichen Kommunikation im IPB war wieder die zweitägige Institutstagung, die im September in der Leucorea in Wittenberg stattfand. Darüber hinaus gibt es wöchentliche Gastvorträge, die zum Teil gemeinsam mit dem SFB 648 oder dem GDCh-Ortsverband veranstaltet werden, wöchentliche Literaturseminare als Teil der Doktorandenausbildung und Abteilungsseminare. Der diesjährige Kurt-Mothes-Doktoranden-Workshop wurde im Oktober vom IPB als Gastgeber ausgerichtet. Dieser Workshop bietet jährlich Doktoranden aus ganz Deutschland, die auf dem Gebiet des Sekundärstoffwechsels arbeiten, die Gelegenheit, ihre Arbeit zu präsentieren.

Mit der Inbetriebnahme der zweiten Ausbaustufe des Gewächshausbereiches im Frühjahr wurden die Bedingungen zur Anzucht von Pflanzen für wissenschaftliche Zwecke erheblich verbessert. Die kompartimentierten, getrennt klimatisierten und mit Außenbeschattung versehenen Gewächshäuser gewährleisten konstante Anzuchtbedingungen über den gesamten Jahresverlauf. Im Herbst wurde mit dem Neubau eines Werkstatt- und Garagenkomplexes sowie eines Laborgebäudes begonnen. Letzteres soll zwei Nachwuchsgruppen und die zurzeit in angemieteten Räumlichkeiten untergebrachte Arbeitsgruppe *Bioinformatik und Massenspektrometrie* beherbergen.

Insgesamt blickt das IPB auf ein erfolgreiches wissenschaftlich produktives Jahr zurück, in dem die an sich schon guten Forschungsmöglichkeiten weiter verbessert werden konnten.

## Direktorium, Stiftungsrat, Wissenschaftlicher Beirat

### Direktorium

Prof. Toni M. Kutchan	<i>Geschäftsführende Direktorin bis 18.11.2005</i> Leiterin der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie
Prof. Dierk Scheel	<i>Geschäftsführender Direktor ab 19.11.2005</i> Leiter der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie
Lothar Franzen	Leiter der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik
Prof. Dieter Strack	Leiter der Abteilung Sekundärstoffwechsel
Prof. Ludger Wessjohann	Leiter der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie

### Stiftungsrat

Ministerialrat Thomas Reitmann	<b>Vorsitzender des Stiftungsrates</b> Kultusministerium des Landes Sachsen - Anhalt
Ministerialrat Dr. Jürgen Roemer - Mähler	<b>Stellvertretender Vorsitzender</b> Bundesministerium für Bildung und Forschung
Prof. Wilhelm Boland	<b>Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirates</b> Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena
Prof. Alfons Gierl	Technische Universität München Stellvertretender Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirates
Prof. Reinhard Neubert	Prorektor für Forschung und wissenschaftlichen Nachwuchs der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Prof. Jörg Stetter	Bayer AG Leverkusen

### Wissenschaftlicher Beirat

Prof. Wilhelm Boland	<b>Vorsitzender</b> Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena
Prof. Alfons Gierl	<b>Stellvertretender Vorsitzender</b> Technische Universität München Lehrstuhl für Genetik
Prof. Raoul J. Bino	Universität Wageningen, Niederlande Labor für Pflanzenphysiologie
Prof. Thomas Boller	Universität Basel Botanisches Institut
Prof. Horst Kunz	Universität Mainz Institut für Organische Chemie
Prof. Birger Lindberg MØller	Universität Kopenhagen, Dänemark Lehrstuhl für Biologie der Pflanzen
PD Günter Strittmatter	Kleinwanzlebener Saatzucht AG, Einbeck
Prof. Lutz F. Tietze	Universität Göttingen Institut für Organische Chemie
Prof. Lothar Willmitzer	Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie Potsdam-Golm
Prof. Ulrich Wobus	Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben



## Wissenschaftlicher Institutsrat, Mitarbeiter in speziellen Funktionen, Personalrat

### Wissenschaftlicher Institutsrat

Der Wissenschaftliche Institutsrat setzt sich aus allen Arbeitsgruppenleitern des Institutes zusammen. Der Sprecher des Wissenschaftlichen Institutsrates ist Herr PD Stephan Clemens.

### Mitarbeiter in speziellen Funktionen

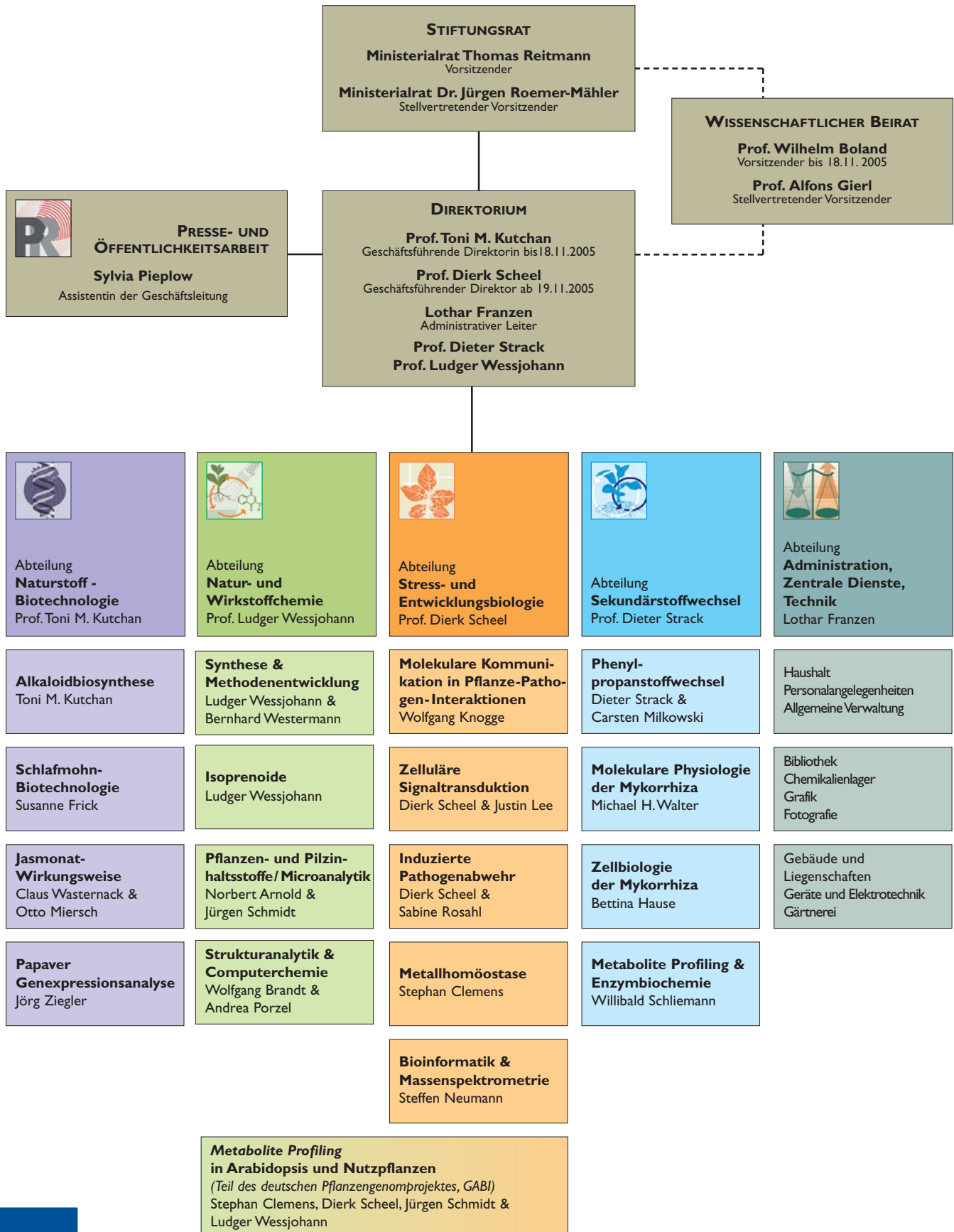
Dr. Bettina Hause	Ombudsperson zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis
Dr. Gabriele Herrmann	Schwerbehindertenbeauftragte
Hans-Günter König	Energie
Dr. Robert Kramell,	Strahlenschutz
Kerstin Manke	Gleichstellungsbeauftragte
Sylvia Pieplow	Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
Dr. Sabine Rosahl	Biologische Sicherheit
Prof. Dierk Scheel, Prof. Claus Wasternack	Projektleiter nach dem Gentechnikgesetz
Dr. Willibald Schliemann	Datenschutz
Dr. Hans-Jürgen Steudte <i>Sicherheitsingenieur</i> Eberhard Warkus	Arbeitssicherheit

### Personalrat

Andrea Piskol	Vorsitzende
Peter Schneider	Stellvertretender Vorsitzender
Martina Allstädt Susanne Berlin Martina Lerbs Dr. Thomas Vogt Angelika Weinel	Weitere Mitglieder



# Organigramm



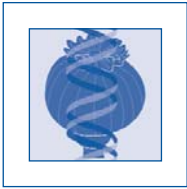
## Abteilung Naturstoff-Biotechnologie

Leiterin: Professor Toni M. Kutchan

Sekretärin: Christine Dietel

Die Abteilung Naturstoff-Biotechnologie beschäftigt sich mit der Bildung und Funktion pflanzlicher Naturstoffe auf molekulargenetischer Ebene. Unsere Forschung konzentriert sich auf das Verstehen der Biosynthese ausgesuchter Naturstoffe und die Erweiterung dieses Wissens mit gentechnischen Methoden. Die Regulation dieser Stoffwechselwege auf genetischer und Enzymebene ist komplex. Bei unseren Versuchen der systematischen Suppression und Überexpression bestimmter Gene hat sich gezeigt, dass es noch viel über natürliche Metabolitengehalte und Quervernetzungen einzelner Stoffwechselwege zu lernen gibt. Auch heute bleibt die gezielte Veränderung des pflanzlichen Metabolismus eine Gleichung mit vielen Unbekannten. Die Störung der Zellphysiologie kann sich in unberechenbarer Art und Weise auf das fein balancierte Gleichgewicht sowie die intra- und interzelluläre Verteilung der einzelnen Metaboliten auswirken. Ein anderer wichtiger Aspekt unserer Forschung ist die Entwicklung effizienter Transformations- und Regenerationsmethoden für Pflanzenfamilien außerhalb der Brassicaceae und Solanaceae, so dass biotechnologische Methoden in Zukunft auf eine Vielzahl von Pflanzenfamilien angewendet werden können.





## AG Alkaloidbiosynthese

Leiterin: Toni M. Kutchan

### Mitarbeiter

**Domenika Arndt**

Technische Assistentin

**Christian Böttcher**

Technischer Assistent

**Maria Luisa Diaz Chavez**

Doktorandin

**Verona Dietl**

Technische Assistentin

**Nadja Grobe**

Diplomandin

**Nils Günnewich**

Doktorand

**Gabriele Herrmann**

Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Aphacha Jindaprasert**

Doktorandin

**Robert Kramell**

Wissenschaftlicher Mitarbeiter

**Tobias Kurz**

Doktorand

**Alfonso Lara**

Doktorand

**Christin Richter**

Doktorandin

**Khaled Sabarna**

Doktorand

**Karin Springob**

Postdoktorandin

**Marco Steen**

Technischer Assistent

**Annika Wirth**

Diplomandin

Mit mehr als 1800 strukturell stark divergierenden Verbindungen sind die Monoterpenoidindolalkaloide eine fruchtbare Quelle an physiologisch aktiven Substanzen. In der traditionellen Medizin Indiens wurden Monoterpenoidindolalkaloid produzierende Pflanzen, wie zum Beispiel *Rauwolfia serpentina*, bereits vor mehr als 3000 Jahren genutzt. Heute werden einige pharmazeutische Substanzen, wie die Tumorstemmhemmer Vinblastin und Vincristin sowie die Blutdruck senkenden Mittel Ajmalicin und Ajmalin aus Indolalkaloid produzierenden Pflanzen gewonnen. Das alkalische Glucosid Strictosidin wurde als biosynthetischer Precursor der Monoterpenoidindolalkaloide identifiziert. Die Bildung des Strictosidins wird von der Strictosidinsynthase katalysiert. Diese Synthase und deren cDNA gehören zu den ersten isolierten Enzymen bzw. Genen der Indolalkaloidbiosynthese (Kutchan, T.M., Hampp, N., Lottspeich, F., Beyreuther, K. and Zenk, M.H. The cDNA clone for strictosidine synthase from *Rauwolfia serpentina*: DNA sequence determination and expression in *Escherichia coli*. *FEBS Lett.* 237, 40-44, 1988). Die Ipecac-Alkaloide, wie das Emetin, sind biosynthetisch eng verwandt mit den Monoterpenoidindolalkaloiden. Emetin wird vorrangig als Anti-Amöben- aber auch als Brechmittel eingesetzt. Es stammt aus *Psychotria epicacuanha*, einer Wildpflanze, die in Süd- und Zentralamerika beheimatet ist. Eine subkutane Injektion des Alkaloids bewirkt eine schnelle Heilung der Amöbenruhr, während eine orale Applikation die Brechreiz auslösenden Eigenschaften des Medikaments fördert. Die Entwicklung erneuerbarer Ressourcen für Emetin, ohne die natürlichen Bestände der Wildpflanzen zu dezimieren, ist ein langfristiges Ziel unseres Projektes.

Aufgrund ähnlicher Katalysemechanismen postulieren wir, dass das erste Enzym der Ipecacbiosynthese eng mit der Strictosidinsynthase verwandt ist. Die Strictosidinsynthase katalysiert die Pictet-Spengler-Kondensation des biogenen Amins Tryptamin und des Iridoids Secologanin. Das erste Enzym der Emetinbiosynthese kondensiert Dopamin und Secologanin zu dem alkalischen Glucosid Deacetylipecosid. Unser Ziel war es, die cDNA der Ipecacbiosynthese über Homologie zur Strictosidinsynthase aus den Monoterpenoidindolalkaloid produzierenden Arten *Rauwolfia serpentina* und *Catharantus roseus* zu identifizieren.

Dafür wurden durch Modifikationen der Hormonkomponenten des Kulturmediums aus wurzellosen *Psychotria ipicacuanha in vitro*-Pflänzchen Wurzelkulturen entwickelt. Mit HPLC-MS Analysen der extrahierten Gewebe konnte gezeigt werden, dass die Emetinproduktion in den Wurzelkulturen etwa zehn Prozent der Menge des in den Blättern gebildeten Emetins erreicht. Zur Sequenzierung wurde eine cDNA-Bibliothek aus ausgewählten Wurzelkulturen erstellt.

Obwohl die photosynthetisch nicht aktiven Wurzelkulturen weniger Alkaloide enthalten als die Blätter, sollten sie mit Transkripten der Alkaloidbiosynthese angereichert sein. Durch einen Sequenzvergleich der erhaltenen EST-Sequenzen mit denen der GenBank konnte eine cDNA mit Homologie zum Strictosidinsynthasegen *str1* aus *Rauwolfia serpentina* identifiziert werden. Auf diesem Weg fanden wir noch weitere cDNAs mit großer Ähnlichkeit zu *Rauwolfia*-Glucosidasen, die an der Biosynthese der Monoterpenoidindolalkaloide beteiligt sind. Mit Hilfe von RT-PCR wurden aus den Ipecac-Homologen Vollängenklone hergestellt. Zurzeit arbeiten wir an den Konditionen einer funktionalen heterologen Expression der Klone in *E. coli*. Das Strictosidinsynthase-ähnliche Enzym wird dann mit den Substratkombinationen Secologamin/Dopamin und Tryptamin/Dopamin auf seine Aktivität getestet. Für den Test der rekombinanten Glucosidase stehen uns eine Reihe von Alkaloidglucosiden als Substrate zur Verfügung. Nach positiven Testergebnissen werden wir die kinetischen *steady state*-Parameter der analysierten Enzyme bestimmen.

## AG Schlafmohn-Biotechnologie

Leiterin: Susanne Frick

Der Schlafmohn (*Papaver somniferum* L.) ist eine der ältesten kultivierten Arzneipflanzen und enthält über 80 verschiedene Tetrahydrobenzylisochinolin-Alkaloide. Viele Schlafmohn-Alkaloide sind von medizinischer Relevanz. Zu diesen zählen das analgetisch und narkotisch wirksame Morphin, das Antitussivum Codein, das Antitumormittel Noscapin und das antimikrobiell wirksame Sanguinarin. Nach der Entwicklung eines Transformationssystems wollen wir die Regulation und ökologische Funktion der Alkaloide in Schlafmohn aufklären. Für die Pharmaindustrie versuchen wir durch *Metabolic Engineering* den Gehalt an therapeutisch wichtigen Alkaloiden gezielt zu steigern. Alkaloidfreie Mohnsorten können von der Nahrungsmittelindustrie zur Produktion von Mohnsamenöl verwendet werden.

Um das Alkaloidprofil von Schlafmohn zu verändern, haben wir verschiedene cDNAs aus *Papaver somniferum* L. mit Hilfe von Agrobakterien als *sense*-, *antisense*- oder *RNAinterference*-Konstrukte in Explants transformiert. Diese cDNAs kodieren für Enzyme aus der Retikulin-, Morphin- und Sanguinarinbiosynthese. Nach der Regeneration von Pflanzen werden die Alkaloide in Milchsaft, Blättern und Wurzeln mittels HPLC und LC-MS qualitativ und quantitativ verifiziert. Anschließend wird die Vererbbarkeit des ermittelten Alkaloidprofils überprüft.

Die Überexpression der cDNA der (S)-N-Methylcoclain-3'-Hydroxylase (*cyp80b3*) in Mohn führte zu einem bis zu 450 prozentigen Anstieg der Gesamtalkaloidkonzentration im Latex. Dieser Anstieg erfolgte entweder ohne eine Veränderung der einzelnen Alkaloidrelationen zueinander oder zusammen mit einer Erhöhung der Morphinkonzentration. Die Expression der *antisense-cyp80b3* cDNA hatte eine bis zu 84 prozentige Reduktion der Gesamtalkaloidkonzentration im Latex zur Folge. Die Erhöhung bzw. Verringerung der Alkaloidkonzentration war in diesen Zelllinien bis in die F3-Generation nachweisbar. Die Transkription von *cyp80b3* in den transgenen Pflanzen wurde durch eine Multiplex RT-PCR mit 18S rRNA als

endogenem Standard bestimmt. Pflanzen, die *cyp80b3* überexprimierten, zeigten ein im Vergleich zum Wildtypen erhöhtes Verhältnis von *cyp80b3*:18S rRNA. In *antisense-cyp80b3* Pflanzen war das Verhältnis *cyp80b3*:18S rRNA reduziert. Mit Hilfe von Southern Blot Analysen konnte gezeigt werden, dass in *sense-cyp80b3* Pflanzen fünf bis sechs Kopien und in *antisense-cyp80b3* Pflanzen drei bis fünf Kopien der T-DNA ins Genom der Pflanzen integriert wurde.

Parallel wurde mit ersten Kreuzungsexperimenten begonnen. Die Kreuzungen der transgenen Linien *cyp80b3-sense* und *cpr-sense* produzierten alle vier möglichen Genotypen: Wildtypen, *cpr*-transgene, *cyp80b3*-transgene sowie *cpr*- und *cyp80b3*-"doppelt transgene" Pflanzen. Durch Southern Blot Analysen wurde auch hier die Kopienzahl der integrierten Gene ermittelt: Demnach hatten die "doppelt-transgenen" Pflanzen fünf bis sechs Genkopien von *cyp80b3* und eine Genkopie der *cpr-sense* Elternzelllinie geerbt. Die Genexpression in den Kreuzungen wurde mit quantitativer RT-PCR ermittelt. In den "doppelt-transgenen" Pflanzen war der mRNA-Level ebenso wie in den Elternpflanzen erhöht. In vier der zwölf analysierten Kreuzungen konnten erhöhte bzw. reduzierte Alkaloidkonzentrationen gemessen werden.

### Mitarbeiter

**Kathleen Bräuer**  
Technische Assistentin

**Stefanie Haase**  
Doktorandin

**Elke Hillert**  
Technische Assistentin

**Katja Kempe**  
Doktorandin

**Heike Riegler**  
Diplomandin

## AG Jasmonat-Wirkungsweise

Leiter: Claus Wasternack & Otto Miersch

### Mitarbeiter

**Carolin Delker**  
Doktorandin

**Stephan Götz**  
Diplomand

**Peter Robert Lange**  
Postdoktorand

**Jana Neumerkel**  
Doktorandin

**Birgit Ortel**  
Technische Assistentin

**Kathrin Rehagel**  
Diplomandin

**Melanie Schulz**  
Diplomandin

**Stefanie Thumm**  
Technische Assistentin

Jasmonate 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 An-schaltung der Jasmonatbiosynthese. Diese Jasmonatmodulation *in planta* wird konstitativ, 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.

Die Rolle der Jasmonate (JA) und ihrer Biosynthese für die Abwehrreaktion der Tomate auf Verwundung - ein Problem mit modellhaftem Charakter für die Prozesse bei Insektenfraß - wurde in transgenen Tomatenpflanzen und Mutanten untersucht. Mit Beendigung des Projektes im SFB 363 wurden die Arbeiten zur Amplifikation in der Wundsignaltransduktion abgeschlossen. Daten zu Jasmonatgehalten, Promotoraktivitäten und Expression von JA-Biosynthesegenen und JA-responsiven Genen bei lokaler und systemischer Reaktion stützen das Konzept, dass Jasmonat ein systemisches Signal in der Wundantwort der Tomate ist.

Untersuchungen zur Rolle der Jasmonate und ihrer Vorstufen, den Oxylipinen, in der Tomatenblüte wurden fortgesetzt und ergaben interessante Aussagen zur organspezifischen Aktivität von JA-Biosynthesegenen und JA-responsiven Genen. 12-Hydroxyjasmonsäure wurde ursprünglich als Knollen-Bildungsfaktor mit einem auf Solanaceen beschränkten Vorkommen beschrieben. Ein umfangreiches Screening verschiedener Pflanzen und ihrer Organe hat das breite Vorkommen dieser Verbindung in z.T. großer Menge belegt. Dies und die Beobachtung, dass 12-OH-Jasmonat den Blühzeitpunkt photoperiodisch regulierter Pflanzen wie *Arabidopsis thaliana* beeinflusst, ließen die Funktionsanalyse dieser Verbindung mittels molekularbiologischer Bearbeitung in den Mittelpunkt der gegenwärtigen Arbeiten rücken. Diese Arbeiten erfolgen mit der tagneutralen Pflanze Tomate und mit *A. thaliana*. Erste Genexpressionsstudien an Wildtyp-, Mutanten- und transgenen

Pflanzen (Zusammenarbeit mit Luc Varin, Concordia Universität, Montreal, Kanada) zeigten, dass die Umsetzung von 12-OH-Jasmonat in einen inaktiven Metaboliten durch Gene des photoperiodischen Weges der Blühinduktion reguliert wird.

Die Arbeiten mit *A. thaliana* zur Regulation der vier Allenoxidcyclase-Gene, die für einen strukturell bedeutsamen Schritt der JA-Biosynthese verantwortlich sind, wurden abgeschlossen und belegen mittels Promotoraktivitäts- und Expressionsstudien ihre nichtredundante Funktion in Stressabwehr und Entwicklung. Neue Erkenntnisse zur Bildung und Funktion von Jasmonaten wurden vor allem für die Wurzelentwicklung und Blütenentwicklung gewonnen, wobei Knockout-Mutanten ein Werkzeug der Analyse waren.

In einem Projekt mit der Probiodrug GmbH sind die gefundenen pflanzlichen Homologen der Glutaminylcyclase näher charakterisiert worden. Diese Arbeiten könnten die Pharmakentwicklung zur Hormonfunktionalisierung in tierischen Systemen fördern.

In den Arbeitsfeldern Tomate und *Arabidopsis* gibt es nationale und internationale Kooperationen. Das langjährige Know-how der Arbeitsgruppe zur JA-Analytik ist dabei gefragt. Hierzu wird die Analytik der Jasmonate durch chemisch-synthetische Arbeiten vorangetrieben. Die Kombination molekularbiologischer Funktionsanalyse mit JA-Analytik ist ein Charakteristikum der Arbeitsgruppe.



## AG Papaver Genexpressionsanalyse

Leiter: Jörg Ziegler

Die Benzylisochinolin-Alkaloide weisen mit circa 2500 bekannten Strukturen eine große Diversität auf. Bekannte Vertreter dieser Stoffklasse sind z. B. das Betäubungsmittel Morphium, das Antitussivum Noscapin und 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 Prozesse, die zur charakteristischen Diversität der Alkaloide führen, noch recht wenig. Über die Korrelation von Genexpressionsmustern mit art- und varietätsspezifisch auftretenden Alkaloidprofilen innerhalb der Papaveroidae sollen weitere cDNAs gefunden werden, denen eine Rolle im Benzylisochinolinstoffwechselweg zugewiesen werden kann.

Durch Korrelation der Expression von 2000 ESTs mit den Alkaloidprofilen von 16 Papaver-Arten konnten sechs Cluster mit insgesamt 69 ESTs detektiert werden, deren Expression in morphinanführenden Pflanzen erhöht war. Darunter befinden sich alle bislang isolierten cDNAs der Benzylisochinolinbiosynthese. 62 Prozent der ESTs zeigten keine Homologie zu bekannten cDNAs, während 13 Prozent für so genannte *housekeeping genes* kodieren. Sechs cDNAs kodieren für P450-Monooxygenasen, deren Reaktionen innerhalb der Benzylisochinolinbiosynthese zur großen strukturellen Vielfalt dieser Substanzgruppe führen. Die Voll-längenkclone dieser cDNAs wurden isoliert, in Vektoren zur Überexpression in Insektenzellen und Hefe kloniert, und werden jetzt auf ihre Substratspezifität untersucht. Für zwei weitere

der auffällig exprimierten ESTs konnte nach Proteinüberexpression eine Funktion in der Benzylisochinolinbiosynthese zugeordnet werden, u. a. konnte zum ersten Mal eine cDNA für die Salutaridin-Reduktase, ein Enzym im morphinspezifischen Weg des Benzylisochinolinstoffwechsels, isoliert werden.

Aus jüngsten Untersuchungen ist bekannt, dass die Benzylisochinoline zwischen verschiedenen Zelltypen transportiert werden müssen. Die Proteinfamilie der ABC-Transporter ist an diesen Transportprozessen beteiligt. Aus den EST-Projekten erhielten wir zehn Sequenzen, die für diese Proteine kodieren. Einige dieser ABC-Transporter werden zurzeit in ihrer vollen Länge isoliert und nachfolgend auf ihre Transporteigenschaften untersucht.

### Mitarbeiter

**René Geißler**  
Diplomand

**Andreas Gesell**  
Doktorand

**Romy Klausnitzer**  
Diplomandin

**Silke Pienkny**  
Doktorandin

**Susan Voigtländer**  
Diplomandin

**Silvia Wegener**  
Technische Assistentin

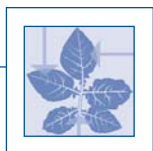
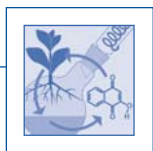


## Publikationen der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie

## Publikationen 2005

- Andrade, A., Vigliocco, A., Alemano, S., Miersch, O. & Botella, M.A. Endogenous jasmonates and octadecanoids during germination and seedling development: their relation with hypersensitive tomato mutants to abiotic stress. *Seed Sci. Res.* **15**, 309-318.
- Danon, A., Miersch, O., Felix, G., op den Camp, R. G. L. & Apel, K. Concurrent activation of cell death-regulating signaling pathways by singlet oxygen in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* **41**, 68-80.
- Durgbanshi, A., Arbona, V., Pozo, O., Miersch, O., Sancho, J. V. & Gómez-Cadenas, A. Simultaneous determination of multiple phytohormones in plant extracts by liquid chromatography-electrospray tandem mass spectrometry. *J. Agric. Food Chem.* **53**, 8437-8442.
- Fortes, A. M., Miersch, O., Lange, P. R., Malho, R., Testilano, P. S., del Risueno, M. C., Wasternack, C. & Pais, M. S. Expression of allene oxide cyclase and accumulation of jasmonates during organogenic nodule formation from hop (*Humulus lupulus* var. Nugget) internodes. *Plant Cell Physiol.* **46**, 1713-1723.
- Frick, S., Kramell, R., Larkin, P. J. & Kutchan, T. M. Studying morphine biosynthesis using transgenic opium poppy (*Papaver somniferum* L.). *Acta Hort.* **680**, 37-43.
- Frick, S., Kramell, R., Schmidt, J., Fist, A. J. & Kutchan, T. M. Comparative qualitative and quantitative determination of alkaloids in narcotic and condiment *Papaver somniferum* cultivars. *J. Nat. Prod.* **68**, 666-673.
- Gerhard, B., Fischer, K., Balkenhohl, T. J., Pohnert, G., Kühn, H., Wasternack, C. & Feussner, I. Lipoxygenase-mediated metabolism of storage lipids in germinating sunflower cotyledons and  $\beta$ -oxidation of (9Z,11E,13S)-13-hydroxy-octadeca-9,11-dienoic acid by the cotyledonary glyoxysomes. *Planta* **220**, 919-930.
- Isayenkov, S., Mrosk, C., Stenzel, I., Strack, D. & Hause, B. Suppression of allene oxide cyclase in hairy roots of *Medicago truncatula* reduces jasmonate levels and the degree of mycorrhization with *Glomus intraradices*. *Plant Physiol.* **139**, 1401-1410.
- Kramell, R., Schmidt, J., Herrmann, G. & Schliemann, W. N-(Jasmonoyl)tyrosine-derived compounds from flower of broad beans (*Vicia faba*). *J. Nat. Prod.* **68**, 1345-1349.
- Kutchan, T. M. Predictive plant metabolic engineering - still full of surprises. *Trends Biotechnol.* **23**, 381-383.
- Kutchan, T. M. A role for intra- and intercellular translocation in natural product biosynthesis. *Curr. Opin. in Plant Biol.* **8**, 292-300.
- Kutchan, T. M. & Dixon, R. A. Physiology and metabolism. Secondary metabolism: nature's chemical reservoir under deconvolution. *Curr. Opin. in Plant Biol.* **8**, 227-229.
- Ludwig, A. A., Saitoh, H., Felix, G., Freymark, G., Miersch, O., Wasternack, C., Boller, T., Jones, J. D. G. & Romeis, T. Ethylene-mediated cross-talk between calcium-dependent protein kinase and MAPK signaling controls stress responses in plants. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* **102**, 10736-10741.
- Meixner, C., Ludwig-Müller, J., Miersch, O., Gresshoff, P., Staehlin, C. & Vierheilig, H. Lack of mycorrhizal autoregulation and phytohormonal changes in the supernodulating soybean mutant *nts1007*. *Planta* **222**, 709-715.
- Mur, L. A. J., Kenton, P., Atzorn, R., Miersch, O. & Wasternack, C. The outcomes of concentration specific interactions between salicylate and jasmonates signalling include synergy, antagonism and the activation of cell death. *Plant Physiol.* **140**, 249-262.
- Nualkaew, N., De-Eknamkul, W., Kutchan, T. M. & Zenk, H. Geranylgeraniol formation in croton stellatopilosus proceeds via successive monodephosphorylations of geranylgeranyl diphosphate. *Tetrahedron Lett.* **46**, 8727-8731.
- Ounaroorn, A., Frick, S. & Kutchan, T. M. Molecular genetic analysis of an O-methyltransferase of the opium poppy *Papaver somniferum*. *Acta Horticulturae* **675**, 167-171.
- Rudus, I., Kepczyńska, E., Kepczyński, J., Wasternack, C. & Miersch, O. Changes in jasmonates and 12-oxophytodienoic acid contents of *Medicago sativa* L. during somatic embryogenesis. *Acta Physiol. Plantar.* **27**, 497-504.
- Schneider, K., Kienow, L., Schmelzer, E., Colby, T., Bartsch, M., Miersch, O., Wasternack, C., Kombrink, E. & Stuible, H.-P. A new type of peroxisomal acyl-coenzyme A synthetase from *Arabidopsis thaliana* has the catalytic capacity to activate biosynthetic precursors of jasmonic acid. *J. Biol. Chem.* **280**, 13962-13972.
- Sharma, V. K., Monostori, T., Hause, B., Maucher, H., Göbel, C., Hornung, E., Hänsch, R., Bittner, F., Wasternack, C., Feussner, I., Mendel, R. R. & Schulze, J. Genetic transformation of barley to modify expression of a 13-lipoxygenase. *Acta Biol. Szegediensis* **49**, 33-34.
- Stumpe, M., Carsjens, J. G., Stenzel, I., Göbel, C., Lang, I., Pawlowski, K., Hause, B. & Feussner, I. Lipid metabolism in arbuscular mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. *Phytochemistry* **66**, 781-791.





Yu, C. K. Y., Springob, K., Schmidt, J., Nicholson, R. L., Chu, I. K., Yip, W. K. & Lo, C. A stilbene synthase gene (*SbSTS1*) is involved in host and nonhost defense responses in Sorghum. *Plant Physiol.* **138**, 393-401.

Ziegler, J. & Kutchan, T. M. Differential gene expression in Papaver-species in comparison with alkaloid profiles. *Acta Horticulturae* **675**, 173-179.

Ziegler, J., Diaz Chavez, M. L., Kramell, R., Ammer, C., & Kutchan, T. M. Comparative macroarray analysis of morphine containing *Papaver somniferum* and eight morphine free Papaver species identifies an *O*-methyltransferase involved in benzyloquinoline biosynthesis. *Planta* **222**, 458-471.

#### Publikationen im Druck

Cenzano, A. M., Vigliocco, A., Miersch, O. & Abdala, G. Octadecanoid levels during stolon to tuber transition in potato. *Potato Res.*

Delker, C., Stenzel, I., Hause, B., Miersch, O. & Wasternack, C. The four allene oxide cyclases and biosynthesis and action of jasmonates in *Arabidopsis thaliana*, SPP-report in *Plant Biol.*

Nualkaew, N., De-Eknamkul, W., Kutchan, T. M. & Zenk, H. Membrane-bound geranylgeranyl diphosphate phosphatases: Purification and characterization from *Croton stellatopilosus* leaves. *Phytochemistry.*

Sharma, V. K., Monostori, T., Göbel, C., Hänsch, R., Bittner, F., Wasternack, C., Feussner, I., Mendel, R. R., Hause, B. & Schulze, J. Transgenic barley plants overexpressing a 13-lipoxygenase to modify oxylipin signature. *Phytochemistry.*

Wasternack, C., Stenzel, I., Hause, B., Hause, G., Kutter, C., Maucher, H., Neumerkel, J., Feussner, I. & Miersch, O. The wound response in tomato – Role of jasmonic acid. *J. Plant Physiol.*

#### Bücher und Buchkapitel

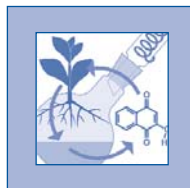
Wasternack, C. Jasmonates – overview on biosynthesis and diversity in actions. In: *Jasmonates, Special Issue of J. Plant Growth Reg.* 23 (Wasternack, C., ed.) Springer Verlag Berlin, pp.167-169.

#### Bücher und Buchkapitel im Druck

Kutchan, T. M., Frick, S. & Weid, M. Engineering plant alkaloid biosynthetic pathways – Progress and prospects. In: *Advances in Plant Biochemistry and Molecular Biology* (Lewis, N. & Nes, D. W., eds.) Vol. 1, Bioengineering and Molecular Biology of Plant Pathways (Bohnert, H. J. & Nguyen, H. T., eds.) Elsevier Science Ltd., Oxford.

Wasternack, C., Oxylipins – Biosynthesis, Signal Transduction and Action. In: *Plant Hormone Signaling* (Hedden, P. & Thomas, S., eds.) Ann. Plant Reviews, Blackwell, Oxford, UK.

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



## Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie

Leiter: Professor Ludger Wessjohann

Sekretärinnen: Elisabeth Kaydamov / Ines Stein

**P**flanzen und Höhere 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 und ihre Anwendung in anderen Bereichen zu erschließen. Enzyme dienen dabei als Katalysatoren für umweltfreundliche chemische Reaktionen oder sind Ziele für die Wirkstoffentwicklung. Naturstoffe können dafür als Leitstrukturen genutzt werden, die zielorientierte Synthese macht sie anschließend besser zugänglich. Sowohl *de novo*- als auch diversitätsorientierte Synthesen erlauben es schließlich, die strukturelle Variationsbreite auszunutzen und bereiten den Weg zur Anwendung als Werkzeuge in der Biologie, für Medikamente, Kosmetika, in Chromatographie oder Pflanzenschutz. Die chemoinformatische Verarbeitung und *Modelling* komplettieren die Untersuchungen, indem sie zum theoretischen Verständnis der untersuchten Substanzen und Phänomene beitragen.

2005 bestand die Abteilung aus den vier Hauptarbeitsgruppen **Synthese & Methodenentwicklung**, **Isoprenoide**, **Strukturanalytik & Computerchemie** sowie **Pflanzen- und Pilzinhaltsstoffe & Mikroanalytik**. Innerhalb des IPB kooperierten wir erfolgreich mit der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie auf dem Gebiet des Metaboliten-Profilings. Weitere Zusammenarbeiten existieren sowohl mit der Abteilung Sekundärstoffwechsel in den Arbeitsfeldern Glukosetransfer-Enzyme und Microtubulin-Binder, als auch mit den Pflanzenbiotechnologen des Instituts im Bereich der isoprenoidverarbeitenden Enzyme.

Auch in diesem Jahr konnten erneut hochinteressante Wirkstoffe isoliert und totalsynthetisiert werden, so Hygrophoron-, Tubulysin- und Galanthamin-Derivate. Im Bereich der diversitätsorientierten Synthese gelang es, Peptide durch neue iterative Verfahren bis zum Dodecamer herzustellen. Macrocyclen wurden um funktionale Elemente ergänzt und die dritte Dimension (Käfigmoleküle) erschlossen. Einzelheiten finden sich in den Berichten der Arbeitsgruppen. Die etwa 30 wissenschaftlichen Publikationen erreichten dabei zunehmend Zeitschriften mit höherem Impactfaktor.

Die starke horizontale und vertikale Integration ist eine Stärke der Abteilung, die sich künftig auch in einer neuen Struktur aus sechs Kompetenzgruppen widerspiegelt: Die Arbeitsfelder der "nass-chemischen" Bereiche Naturstoffe, Synthese und Chemoenzymatik werden sich dabei mit den drei großen analytisch-theoretischen Bereichen *Screening*, Spektroskopie und Computerchemie überlappen. Letztere sind auch wesentliche Serviceeinheiten des IPB insgesamt.

## AG Synthese & Methodenentwicklung

Leiter: Ludger Wessjohann & Bernhard Westermann

Um biologische Funktionen von Organismen vom Gen zum Metaboliten zu studieren, gewinnt zurzeit die chemische Genomik stark an Bedeutung. Hierbei wird der Einfluss von niedrigmolekularen Wirkstoffen, insbesondere Naturstoffen, auf Proteine und Genexpression untersucht – falls möglich in holistischer Weise. Der Erfolg dieses Ansatzes ist allerdings eng verbunden mit dem erfolgreichen Auffüllen des targetreichen biologischen Raumes mit aktiven, niedermolekularen Produkten aus dem chemischen Raum. Dieser sollte eine hohe Diversität und die erforderliche Komplexität besitzen. Klassische kombinatorische Ansätze führten in der Vergangenheit oft nur zu wenigen, eng verwandten Zielstrukturen, insbesondere hinsichtlich der schwer gezielt beeinflussbaren Protein-Protein-Wechselwirkungen.

Als Zugang zu struktureller Variabilität unter Berücksichtigung verfügbarer und privilegierter Strukturen werden folgende Ansätze verfolgt:

- Bibliotheken naturstoffähnlicher Produkte durch *Diversitätsorientierte Synthese*, DOS
- Synthese von Naturstoffen als Leitstruktur, Synthese von Derivaten und Hybriden durch *zielorientierte Synthese*, TOS
- Chemoinformatische Analyse der natürlichen Diversität (s. a. Computerchemie).

Im Rahmen der diversitätsorientierten Synthese sollen potentielle Leitstrukturen durch folgende Ansätze realisiert werden:

- Makrozyklen  
Sie besitzen in der Mehrzahl ideale Bindungseigenschaften, eingeschränkte Flexibilität gegenüber acyclischen Verbindungen und eine erhöhte metabolische Stabilität.
- Peptide  
Sie sind peptidähnlich, aber nicht abbaubar.
- Kohlenhydrat-Mimetika.

Bei der Suche nach Leitstrukturen in der Naturstoffsynthese kommt uns die ideale Kon-

stellation der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie entgegen: Produkte, die den Arbeiten der Naturstoffgruppe entspringen, können unmittelbar aufgegriffen werden. Zurzeit werden folgende Syntheseziele aktiv bearbeitet: Hygrophoron, Galanthamin, Trisporinsäure (abgeschlossen), Epothilon D (abgeschlossen) und in Kooperation: Tubulysin, 8-Prenylnaringenin (abgeschlossen) und Kuhistanol werden in der Isoprenoidgruppe bearbeitet.

Die Anstrengungen der diversitätsorientierten Synthese und der zielorientierten Naturstoffsynthese werden durch Methodenentwicklung unterstützt, die für das effiziente Erreichen der Syntheseziele unabdingbar ist. Dies sind u.a. multiple Multikomponentenreaktionen, Organokatalyse und Selenol-Schutzgruppen. Zurzeit werden intensiv Makrozyklisierungen untersucht. Ein hier entwickeltes neues Konzept, multiple Multikomponenten-Makrozyklisierungen mit bifunktionalisierten Bausteinen, wurde zur erfolgreichsten Methode entwickelt, um komplexe und hochvariable Macrocyclen in Eintopfreaktionen herzustellen. Die so generierten peptoidischen Produkte können neben Rezeptorerkennungssequenzen auch weitere funktionelle Einheiten (Farbstoffe, Photoschalter) enthalten, die für die Analytik sowie weitere Anwendungen wichtig sind.

### Mitarbeiter

**Muhammad Abbas**  
Postdoktorand

**Marco Dessoy**  
Postdoktorand

**Viktor Dick**  
Doktorand

**Simon Dörner**  
Doktorand

**Tobias Dräger**  
Doktorand

**Uwe Eichelberger**  
Postdoktorand

**Daniel Garcia-Rivera**  
Doktorand

**Gergely Gulyas**  
Doktorand

**Alexander Gutsche**  
Diplomand

**Nicole Hünecke**  
Auszubildende

**Oliver Kreye**  
Doktorand

**Christiane Neuhaus**  
Doktorandin

**Angela Schaks**  
Technische Assistentin

**Gisela Schmidt**  
Technische Assistentin

**Alex Schneider**  
Doktorand

**Tran Thi Phuong Thao**  
Doktorandin

**Katharina Wolf**  
Auszubildende

**Mingzhao Zhu**  
Doktorand



## AG Isoprenoide

Leiter: Ludger Wessjohann

### Mitarbeiter

**Carlos Boluda**  
Postdoktorand

**Cristiano Bohn-Rhoden**  
Doktorand

**Gudrun Hahn**  
Technische Assistentin

**Roman Weber**  
Doktorand

**Heike Wilhelm**  
Postdoktorandin

**Svetlana Zakharova**  
Postdoktorandin

Die Arbeitsgruppe Isoprenoide beschäftigt sich mit der Synthese und Biosynthese von Substanzen mit Prenyleinheiten, also neben linearen Isoprenoiden auch Terpenoiden, Steroiden und Konjugaten, die isoprenoide Strukturelemente enthalten. Das spezielle Interesse gilt den Transferreaktionen von prenylierten Pyrophosphaten an aromatische Verbindungen oder an Olefine im Sinne einer Terpenzyklisierung. Durch die Arbeiten soll ein besseres Verständnis des Reaktionsmechanismus und der Substratazeptanz erzielt werden. Dies soll den Zugang zu Inhibitoren und zu modifizierten Isoprenoiden ermöglichen.

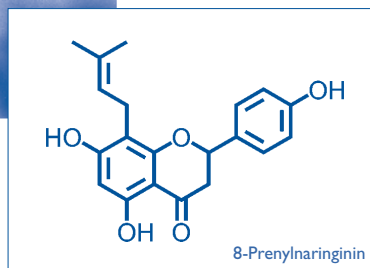
Natürliche aromatische Isoprenoide konnten erstmals chemoenzymatisch zugänglich gemacht werden. Das natürliche Meroterpenoid Kuhistanol A wurde durch einen Prenyltransferase-Schlüsselschritt synthetisiert, wobei Teilschritte noch der Verbesserung bedürfen. Im Zuge unserer Arbeiten mit der ubiA-Prenyltransferase wurden fluoreszenz-markierte Substrate hergestellt, um die Aufklärung des aktiven Zentrums voranzutreiben. Zum selben Zweck wurden Arbeiten zu Enzymmutanten und Enzymmodellierung durchgeführt.

gebildet wird, ist das stärkste bekannte Phytohormon, von dem man gerne größere Mengen hätte. Wir konnten dies nun außerhalb des Kessels ausgehend von Xanthohumol, ebenfalls einem Nebenprodukt der Hopfenindustrie, synthetisieren. Schlüsselschritte waren eine selektive O-Demethylierung mit Scandiumtriflat. Dieser Schritt musste sehr aufwändig optimiert werden, da literaturbekannte Verfahren zu Nebenreaktionen führen. Das Produkt konnte in über 90 Prozent Ausbeute isoliert werden. Aufgrund der Bedeutung des Naturstoffes wurde das Verfahren patentiert.

8-Prenylnaringinin, das vor allem beim Brauprozess aus Hopfenextrakt als Nebenprodukt



Hopfendolden



## AG Pflanzen- und Pilzinhaltsstoffe / Mikroanalytik

Leiter: Norbert Arnold & Jürgen Schmidt

Die Arbeitsgruppe beschäftigt sich mit der Isolierung und Charakterisierung von Sekundärmetaboliten aus Pflanzen und Höheren Pilzen mit Hilfe moderner spektroskopischer Methoden, insbesondere der Massenspektrometrie. Die Stärken von Naturstoffen liegen in ihrer Wirksamkeit verbunden mit ihrer Umweltverträglichkeit: Über hunderttausende von Jahren hat die Evolution diese Substanzen optimiert. Dadurch eignen sie sich in besonderer Weise für eine Nutzbarmachung durch den Menschen in Medizin oder Landwirtschaft.

### Pilzinhaltsstoffe

Mittels LC-Elektrospray(ESI)-MS/MS wurde das massenspektrometrische Verhalten von Hygrophoronen untersucht, die von uns aus Pilzfruchtkörpern der Gattung *Hygrophorus* isoliert und in ihrer Struktur geklärt wurden. Dabei erwies sich diese Methode als effektives Werkzeug für die Identifizierung dieser Verbindungen. Die ESI-CID-Massenspektren der  $[M+H]^+$  bzw.  $[M-H]^-$  Ionen erlauben eine Klassifizierung der Hygrophorone im Hinblick auf ihre Substitution am Cyclopentenon-Ring und am C-6 der Seitenkette (Hydroxy/Acetoxy und Oxo-Funktion). So zeigen die CID-Spektren negativer Ionen der 6-Ketoverbindungen einen ungewöhnlichen Verlust von  $CO_2$  aus dem deprotonierten Molekulation.

Im Zuge weiterer Untersuchungen der Pilzgattung *Hygrophorus* konnten die Alkaloide Harman und Norharman nachgewiesen werden. Diese sind, nach Untersuchung fast aller Arten der Gattung, möglicherweise als Leitverbindungen der Gattung *Hygrophorus* aufzufassen. Gleichzeitig ist dies der Erstdnachweis der beiden Alkaloide in Pilzen.

### Pflanzeninhaltsstoffe

Im Rahmen der Untersuchungen von Pflanzeninhaltsstoffen konnten aus den in Myanmar verwendeten Heilpflanzen *Streptocaulon tomentosum* (Asclepiadaceae), *Curcuma comosa* (Zingiberaceae) und *Vitis repens* (Vitaceae), die bei einer Anzahl von Krankheiten wie infektiöser Darmerkrankungen, Magenschmerzen und Hautabszessen ver-

wendet werden, zahlreiche Verbindungen, darunter auch neuartige Sesquiterpene isoliert und charakterisiert werden.

Untersuchungen zu Heantos, einem auf der traditionellen Medizin Vietnams basierenden Antidrogenmittel, wurden fortgesetzt. Neben der phytochemischen Untersuchung der Einzelkomponenten wurde die sehr komplexe Heantos-Mixtur der Kapseln mittels gekoppelter HPLC und massenspektrometrischer Methoden untersucht, mit dem Ziel Leitsubstanzen zu ermitteln, die eine Standardisierung der Arznei erlauben.

Aus der bisher wenig untersuchten aquatischen Pflanzengattung *Cryptocoryne* (Araceae) konnte mit 2"-O-Glucosylvitexin (1) ein neuartiges Flavon-Glykosid isoliert werden. Diese Verbindung kann als chemotaxonomische Leitverbindung der Gattung *Cryptocoryne* betrachtet werden.

Die Elektrospray-FT-ICR-Massenspektrometrie wurde u.a. erfolgreich zur exakten Massenbestimmung von neuen, vom Sinapin abgeleiteten, Verbindungen aus Samen von *Arabidopsis thaliana* und *Brassica napus* eingesetzt.

In Zusammenarbeit mit der Fakultät für Pharmazie der Martin-Luther-Universität Halle wurden im Rahmen eines Vergleichs von ESI-MS/MS-Daten von Ionenfallen- und Triple-Quadrupol-Systemen massenspektrometrische Untersuchungen von Benzylisochinolin-Alkaloiden durchgeführt.

### Mitarbeiter

**Sanela Bacinovic**  
Diplomandin

**Kanchana Dumri**  
Doktorandin

**Katrin Franke**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Myint Myint Khine**  
Doktorand

**Christine Kuhnt**  
Technische Assistentin

**Monika Kummer**  
Technische Assistentin

**Martina Lerbs**  
Technische Assistentin

**Tilo Lübken**  
Doktorand

**Hoang Anh Nguyen**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Axel Teichert**  
Doktorand

**Carlo Tiebe**  
Diplomand

**Thi Thuy Trinh**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Alexander Voss**  
Diplomand

## AG Strukturanalytik & Computerchemie

Leiter: Wolfgang Brandt & Andrea Porzel

### Mitarbeiter

#### Susanne Aust

Gastwissenschaftlerin

#### Claudia Bobach

Doktorandin

#### Lars Bräuer

Doktorand

#### Frank Broda

Programmierer

#### Stephanie Gulde

Doktorandin

Tobias Heintz

Diplomand

#### Ernst Römer

Wissenschaftlicher Mitarbeiter

#### Diana Schulze

Diplomandin

#### Bianca Wachsmuth

Diplomandin

#### Annett Siebenhüner

Diplomandin

#### Maritta Süße

Technische Assistentin

In der Arbeitsgruppe Strukturanalytik und Computerchemie werden strukturelle und mechanistische Aspekte der Natur- und Wirkstoffchemie mittels *Molecular Modelling*, Chemoinformatik, optischer und NMR-Spektroskopie bearbeitet.

### NMR und optische Spektroskopie

Moderne NMR-spektroskopische Methoden wurden zur Strukturaufklärung von bioaktiven Naturstoffen aus Pflanzen und Höheren Pilzen eingesetzt. Die synthetischen Arbeiten wurden durch NMR-spektroskopische Messungen und optische Spektroskopie unterstützt. Für die Mitarbeiter der Abteilung und anderer Arbeitsgruppen des IPB erfolgten NMR-, IR-, CD- und UV-Servicemessungen in großer Zahl.

Begonnen wurde mit experimentellen Arbeiten zur Bestimmung der relativen Stereochemie anhand von dipolaren Restkopplungen, die kleine organische Moleküle bei schwacher Ausrichtung an einer geeigneten Matrix aufweisen. Für ein in im chiralen Flüssigkristallsystem Poly- $\gamma$ -benzyl-L-glutamat/ $\text{CDCl}_3$  gelöstes Hygrophoronderivat konnten die dipolaren  $^1\text{H}$ ,  $^{13}\text{C}$  Restkopplungen bestimmt werden.

Am Beispiel der Droge *Gentiana radix* (Enzianwurzel) konnte gezeigt werden, dass die Flüssigkeitschromatografie mit Streulichtdetektion eine bessere Charakterisierung von pflanzlichen Drogen erlaubt als die übliche UV-Detektion. Orientierende  $^1\text{H}$ -NMR-spektroskopische Untersuchungen von Drogenrohextrakten lieferten vielversprechende Resultate hinsichtlich eines Einsatzes dieser Methode zur qualitativen und semiquantitativen Qualitätskontrolle von komplex zusammengesetzten Phytopharmaka.

### Molecular Modelling

In der Forschungsgruppe werden Methoden des *Molecular Modelling*, der Bio- und Chemoinformatik und der Theoretischen Chemie angewendet. Die Studien sollen zur Aufklärung und dem Verständnis chemischer Strukturen und Prozesse auf molekularer und atomarer Ebene in chemischen und biologischen Systemen beitragen. Damit verbunden ist die gezielte Vorhersage von Wirkstoffen mit verbessertem oder neuem Wirkprofil für Partner der pharmazeutischen Industrie.

In Kooperation mit Volker Lipka (Universität Tübingen) wurde ein Modell einer PEN2 Glycosylhydrolase entwickelt, welches als Teil in einer Science-Publikation veröffentlicht wurde. Im Rahmen eines Industrieprojektes wurden die Struktur-Wirkungsbeziehungen von Liganden der Muskarinrezeptoren erfolgreich untersucht und abgeschlossen. Auf diese Weise konnten dem Projektpartner wertvolle Hinweise zur Entwicklung neuer Wirkstoffe gegeben werden.

Zur Analyse der bisher unbekanntenen Mechanismen der Enzymkatalyse neuer Terpensynthasen wurden 3D-Strukturmodelle entwickelt und erste sehr rechenzeitaufwendige gekoppelte quantenchemische-molekülmechanische (QM/MM) Berechnungen begonnen. Zur Überprüfung der Theorie werden zurzeit experimentelle Arbeiten (Mutationen einzelner Aminosäuren) durchgeführt.

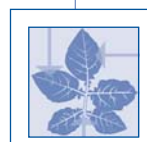
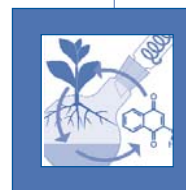
### Chemoinformatik - in silico Screening

Als wesentliche Voraussetzung für einen rationalen und schnellen Prozess zum Wirkstoffdesign wurden Datenbanken mit 3D-Strukturen organischer Verbindungen entwickelt bzw. zugänglich gemacht. Auf der Grundlage kommerzieller und in der Abteilung synthetisierter Verbindungen wurde als essentielle Grundlage für ein effektives *in-silico Screening* zur Identifizierung potentieller Wirkstoffe (Hits) eine Datenbank mit mehr 57 Millionen 3D-Strukturen generiert. Auf dieser Grundlage und nachfolgenden Studien zu quantitativen Struktur-Wirkungsbeziehungen konnten erste Vorschläge für pharmazeutisch relevante Wirkstoffe identifiziert und experimentellen Untersuchungen zugeführt werden.

Zur Erhöhung der Effektivität dieser Arbeiten wurde mit eigenen Softwareentwicklungen für schnelle chemoinformatische Analysen und Klassifizierungen von beliebigen chemischen Verbindungen begonnen.



## Publikationen der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie



### Publikationen 2005

Abbas, M., Neuhaus, C., Krebs, B. & Westermann, B. Catalytic addition of homoenolates to imines-The Homo-Mannich reaction. *Synlett*, **16** (3), 473-476.

Barth, A., Thondorf, I., Gebauer, S., Brandt, W., Neubert, K., Stano, J., Psenak, M. & Kovacs, P. Gedanken zum Mechanismus der Serinproteasen Teil 2. Dipeptidyl Peptidase IV (DP IV/CD 26). *Acta Facultatis Pharmaceuticae Universitatis Comenianae*, **LII**, 7-20.

Basso, A., Ebert, C., Gardossi, L., Linda, P., Phuong, T. T., Zhu, M. & Wessjohann, L.A. Penicillin G amidase-catalysed hydrolysis of phenylacetic hydrazides on a solid phase: A new route to enzyme-cleavable linkers. *Advanced Synthesis & Catalysis* **347**, 963-966.

Baumert, A., Milkowski, C., Schmidt, J., Nimtz, M., Wray, V. & Strack, D. Formation of a complex pattern of sinapate esters in *Brassica napus* seeds, catalyzed by enzymes of a serine carboxypeptidase-like acyltransferase family? *Phytochemistry* **66**, 1334-1345.

Braga, A.L., Alves, E.F., Sivera, C.C., Appelt, H.R. & Wessjohann, L.A. A new cysteine derived ligand as catalyst in the addition of diethylzinc to aldehydes: The important of a "free" sulfide site for enantioselectivity. *Synthesis* **4**, 558-594.

Braga, A.L., Lüdtkke, D.S., Wessjohann, L.A., Paixao, M.W. & Schneider, P. H. A chiral disulfide from (R)-cysteine in the enantioselective addition of diethylzinc to aldehydes: Loading effect and asymmetric amplification. *J. Mol. Catal.* **229**, 47-50.

Braga, A.L., Lüdtkke, D.S., Schneider, P.H., Vargas, F., Schneider, A., Wessjohann, L.A. & Paixao, M.W. Catalytic enantioselective aryl transfer: Asymmetric addition of boronic acids to aldehydes using pyrrolidinylmethanols as ligands. *Tetrahedron Lett.* **46**, 7827-7830.

Brandt, W. & Wessjohann, L.A. The functional role of selenocysteine (Sec) in the catalysis mechanism of large thioredoxin reductases: Proposition of a swapping catalytic triad including a Sec-His-Glu state. *Chembiochem* **6**, 386-394.

Dörner, S. & Westermann, B. A short route for the synthesis of "sweet" macrocycles via a click-dimerization-ring-closing metathesis approach. *Chem. Commun.* **22**, 2852-2854.

Frick, S., Kramell, R., Schmidt, J., Fist, A.J. & Kutchan, T.M. Comparative qualitative and quantitative determination of alkaloids in narcotic and condiment *Papaver somniferum* cultivars. *J. Nat. Prod.* **68**, 666-673.

Greiner, D., Bonaldi, T., Eskeland, R., Roemer, E. & Imhof, A. Identification of a specific inhibitor of the histone methyltransferase SU(VAR)3-9. *Nature Chemical Biology* **1**, 143-145.

Hause, G., Lischweski, S., Wessjohann, L.A. & Hause, B. Epithilone D affects cell cycle and microtubular pattern in plant cells. *J. Exp. Bot.* **56**, 2131-2137.

Kramell, R., Schmidt, J., Herrmann, G. & Schlie-mann, W. N-(jasmonoyl)tyrosine-derived compounds from flowers of broad beans (*Vicia faba*). *J. Nat. Prod.* **68**, 1345-1349.

Lipka, V., Diittgen, J., Bednarek, P., Bhat, R., Wierner, M., Stein, M., Landtag, J., Brandt, W., Rosahl, S., Scheel, D., Llorente, F., Molina, A., Parker, J., Somerville, S. & Schulze-Lefert, P. Pre- and postinvasion defenses both contribute to nonhost resistance in Arabidopsis. *Science* **310**, 1180-1183.

Nguyen, T.H.V., Nguyen, T.H.A., Sung, T.V., Franke, K. & Wessjohann, L.A. Four phthalides from the roots of *Angelica sinensis*. *Tap Chi Hoa Hoc* **43**, 228-231.

Nguyen, T.H.V., Nguyen, T.H.A., Sung, T.V., Franke, K. & Wessjohann, L.A. Three phthalide derivatives from *Angelica sinensis* rhizomes. *Tap Chi Hoa Hoc* **43**, 119-122.

Odman, P., Wessjohann, L.A. & Bornscheuer, U.T. Chemoenzymatic dynamic kinetic resolution of acylolins. *J. Org. Chem.* **70**, 9551-9555.

Ruijter, E., Schültingkemper, H. & Wessjohann, L.A. Highly substituted tetrahydropyrones from hetero-Diels-Alder reactions of 2-alkenals with stereochemical induction from chiral dienes. *J. Org. Chem.* **70**, 2820-2823.

Schmidt, J., Raith, K., Boettcher, C. & Zenk, M.H. Analysis of benzyloisoquinoline-type alkaloids by electrospray tandem mass spectrometry and atmospheric pressure photoionization. *European Journal of Mass Spectrometry* **11**, 325-333.

## Publikationen der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie

**Publikationen 2005**

Teichert, A., Lübken, T., Schmidt, J., Porzel, A., Arnold, N. & Wessjohann, L.A. Unusual bioactive 4-oxo-2-alkenoic fatty acids from *Hygrophorus eburneus*. *Z. Naturforsch. Reihe B*, **60**, 25-32.

Wessjohann, L.A. & Ruijter, E. Macrocycles rapidly produced by multiple multicomponent reactions including bifunctional building blocks (MiBs). *Mol Divers.* **9**, 159-169.

Wessjohann, L.A. & Ruijter, E. Strategies for total and diversity-oriented synthesis of natural product(-like) macrocycles. *Top. Curr. Chem.* **243**, 137-184.

Wessjohann, L.A., Ruijter, E., Garcia-Rivera, D. & Brandt, W. What can a chemist learn from nature's macrocycles? A brief, conceptual view. *Mol Divers.* **9**, 171-186.

Wessjohann, L.A., Voigt, B. & Garcia-Rivera, D. Diversity oriented one-pot synthesis of complex macrocycles: Very large steroid-peptoid hybrids from multiple multicomponent reactions including bifunctional building blocks. *Angew. Chem. Int. Ed.* **44**, 4785-4790.

Westermann, B. & Dörner, S. Synthesis of multivalent aminoglycoside mimics via the Ugi multicomponent reaction. *Chem. Commun.* **16**, 2116-2118.

Westermann, B. & Neuhaus, C. Dihydroxyacetone in amino acid catalyzed Mannich-Type reactions. *Angew. Chem. Int. Ed.* **44**, 4077-4079.

Yu, C.K.Y., Springob, K., Schmidt, J., Nicholson, R.L., Chu, I.K., Yip, W.K. & Yip, L.C. A stilbene synthase gene (*SbSTS1*) is involved in host and non-host defense responses in Sorghum. *Plant Physiol.* **138**, 393-401.

**Publikationen im Druck**

Abbas, M., Bethke, J. & Wessjohann, L.A. One pot synthesis of selenocysteine containing libraries by Ugi multicomponent reactions in water. *Chem. Commun.*

Augustin, T., Schlosser, D., Schmidt, J., Baumbach, R., Grancharov, K., Kraus, G. & Krauss, G.-J. Bio-

transformation of 1-naphtol by a strictly aquatic fungus. *Curr. Microbiol.*

Cuong, N.H., Tran Quang Hung, T.Q., Arnold, N. & Wessjohann, L.A. Antifungal compounds from Vietnamese *Bousingonia mekongese*. *Adv. Nat. Sci.*

Franke, K., Hoffmann, M., Schmidt, J., Arnold, N. & Wessjohann, L.A. 2''-O-glucosylvitexin, a chemotaxonomic marker for the genus *Cryptocoryne* (Araceae). *Biochem. Syst. Ecol.*

Gray, I.J., Ren, R., Westermann, B. & Kluger, R. Lanthanum-catalyzed aqueous acylation of monosaccharides by benzoyl methyl phosphate. *Can. J. Chem.-Revue.*

Lübken, T., Arnold, N., Wessjohann, L.A., Böttcher, C. & Schmidt, J. Analysis of fungal cyclopentenone derivatives from *Hygrophorus* spp. by liquid chromatography/electrospray tandem mass spectrometry. *J. Mass Spectrom.*

Schneider, A., Rodrigues, O.E.D., Paixao, M.W., Appelt, H.R., Braga, A.L., & Wessjohann, L.A. Stereoselective synthesis of Boc-protected L-seleno- and telluro-lanthionine, L-seleno- and telluro-cysteine and derivatives. *Tetrahedron Lett.* **47**.

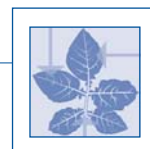
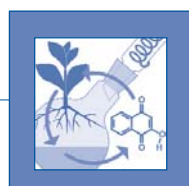
Selent, J., Brandt, W., Pamperin, D. & Göber, B. Enantiomeric N-methyl-4-piperidyl benzilates as muscarinic receptor ligands: Radioligand binding studies and docking studies to models of the three muscarinic receptors M1, M2 and M3. *Bioorg. & Med. Chem.*

Sontag, B., Rütth, M., Spitteller, P., Arnold, N. & Steiglich, W. Chromogenic meroterpenoids from the mushrooms *Russula ochroleuca* and *R. viscida*. *Eur. J. Biochem.*

Westermann B. & Dubberke, S. Oxidative allylic rearrangement of cycloalkenols. Formal total synthesis of enantiomerically pure trisporic acid B. *Tetrahedron.*

**Bücher und Buchkapitel im Druck**

Nuhn, P. & Wessjohann, L.A. Naturstoffchemie – mikrobielle, pflanzliche und tierische Naturstoffe. S. Hirzel Verlag, Stuttgart.





## Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie

Leiter: Professor Dierk Scheel

Sekretärin: Susanne Berlin



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. 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*.

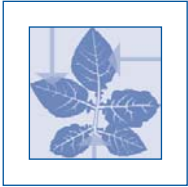
Bei den biotischen Umweltfaktoren konzentrieren sich die Arbeiten insbesondere auf die Wechselwirkungen von Pathogenen mit Pflanzen, die für sie keine Wirtspflanzen darstellen. In diesen Fällen zeigt die Pflanze eine stabile Resistenz, die auf der Aktivierung einer aus vielen Komponenten bestehenden Abwehrreaktion beruht. Eine vergleichbare Resistenzreaktion können auch Wirtspflanzen nach Befall mit Pathogenrassen aktivieren, wenn sie über Resistenzgene verfügen, die komplementär zu Avirulenzgenen des angreifenden Pathogens sind. 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 Metall akkumulierenden Modellpflanze die Struktur und Funktion von Genen, die für die Toleranz dieser Pflanze gegenüber ansonsten toxischen Metallkonzentrationen verantwortlich sind.

Reaktionen von Pflanzen auf biotische und abiotische Umweltfaktoren drücken sich letztendlich in einem veränderten Muster von Proteinen und Metaboliten aus. Um diese Veränderungen detektieren zu können, wurden Methoden zur umfassenden Analyse von Proteinen und Sekundärmetaboliten mittels Massenspektrometrie etabliert. Diese Methoden werden darüber hinaus zur biochemischen Phänotypisierung von Mutanten verwendet. Das umfassende *Metaboliten-Profiling* erfordert die Etablierung einer Bioinformatik- und *Metabolomics*-Plattform, die eine Erstellung von Datenbanken und Anwendungen für eine Analyse und Annotation insbesondere von massenspektrometrischen Messdaten beinhaltet.

## AG Molekulare Kommunikation in Pflanze-Pathogen-Interaktionen

Leiter: Wolfgang Knogge



### Mitarbeiter

**Barbara Degner**  
Technische Assistentin

**Ralf Horbach**  
Doktorand

**Claudia Mönchmeier**  
Diplomandin

**Sylvia Siersleben**  
Doktorandin

**Ronny Völz**  
Diplomand

**Marina Wibe**  
Diplomandin

*Rhynchosporium secalis* ist der Erreger einer Blattfleckenkrankheit verschiedener Gräser. Der Pilz ist jedoch insbesondere als Gerstenpathogen weltweit von ökonomischer Bedeutung. Seine ungewöhnliche Entwicklung in der Wirtspflanze ist dadurch charakterisiert, dass das Hyphenwachstum auf den Bereich zwischen Blatt-Cuticula und Epidermiszellen beschränkt ist. Da die Epidermiszellwände nicht signifikant geschädigt werden, muss jede Kommunikation zwischen Pilz und Pflanze auf "Distanz-Faktoren" beruhen, die durch die pflanzlichen Zellwände diffundieren. Ziel der Arbeiten ist die Identifizierung von Signal- und Effektorproteinen und ihren Zielmolekülen, um Einblick in die Vorgänge zu erlangen, die die Grundlage für eine erfolgreiche Besiedelung der Pflanze durch den Pilz bzw. die Abwehr des Pilzes durch die Pflanze darstellen.

Durch Mutagenese-Strategien wurden Pilzproteine identifiziert, die eine Rolle in unterschiedlichen pathogenese-relevanten Prozessen spielen könnten. Eines dieser Proteine ist eine Intramembranprotease vom Rhomboid-Typus. Diese Proteinfamilie findet sich relativ hoch konserviert in den meisten Bakterien und Eukaryonten. Ihr Prototyp, Rhomboid, ist ein Entwicklungsregulator in *Drosophila melanogaster*, der einen epidermalen Wachstumsfaktor aus einem Transmembran-Vorstufenprotein abspaltet. Eine weitere Protease dieses Typs, AarA, setzt im humanpathogenen Bakterium *Providencia stewartii* ein Peptid frei, mit dessen Hilfe die Bakterien ihren eigenen Titer (*quorum sensing*) als Voraussetzung für das Anschalten ihrer Virulenzgene bestimmen. Während Rhomboid und AarA an extrazellulären Signalprozessen beteiligt sind, sitzt PcpI/RbdI von *Saccharomyces cerevisiae* in der inneren Mitochondrien-Membran, wo das Enzym die Bildung einer für die Organell-Morphologie essentiellen GTPase-Isoform aus einer größeren Vorstufe katalysiert. Bei Pilz-Pflanze-Interaktionen ist über die Rolle der "regulierten Intramembran-Proteolyse" bisher nichts bekannt. Daher zielen die Arbeiten an dem Enzym von *R. secalis* auf seine

Lokalisation sowie auf die Identifizierung seines Substrates und des freigesetzten Produktes. Insbesondere werden jedoch von der Identifizierung des Prozesses, der von dem generierten Signal reguliert wird, neue Erkenntnisse im Zusammenhang mit pilzlicher Pathogenese erwartet.

Mikroorganismen "senden" jedoch nicht nur, sondern sie können auch Signale aus ihrer Umwelt empfangen. Um diese dann mit spezifischen zellulären Anpassungsreaktionen verknüpfen zu können, werden häufig Histidin-Proteinkinasen als Teil intrazellulärer Informationsprozessierungssysteme diskutiert. Trotz ihrer weiten Verbreitung ist über die unmittelbare Funktion der meisten dieser Enzyme wenig bekannt. Ihre große insbesondere in verschiedenen phytopathogenen Pilzen gefundene Anzahl könnte jedoch auf eine bedeutende Rolle bei der Adaptation an die jeweiligen Wirtspflanzen hinweisen. Auch in *R. secalis* wurde ein solches Enzym identifiziert. Nach hoher Expression in Sporen von *R. secalis* geht seine Synthese im weiteren Verlauf der Pathogenese zurück. Damit rücken pflanzliche Faktoren als Modulatoren der Pilzentwicklung ins Zentrum des Interesses.

## AG Zelluläre Signaltransduktion

Leiter: Dierk Scheel & Justin Lee

Im Zentrum der Arbeiten dieser Gruppe steht die Analyse früher Signaltransduktionsschritte bei der Nichtwirtsresistenz von Pflanzen gegen mikrobielle Pathogene. Ältere Arbeiten mit Petersiliezellkulturen haben gezeigt, dass die Bindung des Oligopeptidelicitors Pep-13 an einen Plasmamembranrezeptor eine verzweigte Signaltransduktionskaskade auslöst, an der eine transiente Erhöhung der cytosolischen Kalziumkonzentration, die Aktivierung von Ionenkanälen, Phospholipase C, NADPH-Oxidase und MAP-Kinasen beteiligt sind. Diese Thematik wird jetzt auf Arabidopsis übertragen.

Im Mittelpunkt steht dabei die Untersuchung der Signalspezifität von MAP-Kinasen. Mit verschiedenen Methoden werden interagierende Proteine und potentielle Substrate isoliert. Einerseits wurden transgene Pflanzen mit TAP (*Tandem-Affinity Purification*)-tag-Konstrukten verschiedener Elemente von MAP-Kinase-Kaskaden hergestellt, die eine Affinitätsreinigung interagierender Proteine mit anschließender massenspektrometrischer Analyse erlauben. Parallel dazu wurden potentiell interagierende Proteine mittels eines Hefe-Dihybrid-Screens identifiziert (Kooperation mit Joachim Uhrig, Universität Köln). Zur Bestätigung der Interaktion *in vivo*, wurde die FRET-Analyse (*Fluorescence-Resonance Energy Transfer*) in Arabidopsis-Protoplasten etabliert. Damit konnte die Interaktion zwischen AtMPK6 und einem unbekanntem EREBP-ähnlichen Protein (*Ethylene Response Element-Binding Protein*) im Zellkern bestätigt werden, die nach Elicitorbehandlung aufgelöst wird. Vermutlich stellt das EREBP-ähnliche Protein ein *in-vivo*-Substrat der AtMPK6 dar.

In Zusammenarbeit mit Birgit Kersten (Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik, Berlin) wurden potentielle Substrate von AtMPK3 und AtMPK6 durch einen *In-Vitro*-Kinase-Screen identifiziert, der auf Protein-Arrays mit 1700 rekombinanten Arabidopsis-Proteinen basiert. Die interessantesten Kandidaten sollen über *In-Vitro*- und *In-Vivo*-Methoden verifiziert werden. Die phosphorylierten Stellen innerhalb der Proteine werden mittels eines phosphoproteomischen Ansatzes kartiert.

In einem Proteom-Ansatz wurden transgene *AvrRpm1*-exprimierende Pflanzen mit 2D-PAGE analysiert. Für dieses Gen-für-Gen-Modellsystem konnten wir mittels MALDI-TOF-MS 20 Spots mit erhöhter Proteinakkumulation identifizieren. Einige können als "klassische" Abwehrproteine bezeichnet werden (wie z. B. PAL oder GST), andere sind wahrscheinlich von metabolischer oder noch unbekannter Funktion. Weitere Untersuchungen werden sich auf Signalübertragungs-Proteine wie Remorin (beschrieben für *lipid rafts*), PP2C oder einen DNA-Bindungsfaktor konzentrieren. Andere Studien beziehen sich auf Phospho- und Nukleusproteome von elizitierten Zellen und von Blättern mit induzierter lokal oder systemisch erworbener Resistenz (LAR/SAR). Bei letzterem wird schrittweise eine Auswahl von Arabidopsis-Mutanten analysiert, welche im SAR-Pathway blockiert sind.

Für die Analyse der Wirt-Parasit-Interaktionen am Beispiel von Arabidopsis und *Cuscuta spec.* befindet sich ein mikroskopiegestützter Interaktions-Screen im Aufbau. Etwa zwei Drittel der 50 Arabidopsis-Ökotypen unserer Sammlung sowie eine Reihe von Mutanten mit Defekten in zahlreichen Pathogen-Abwehrwegen, wie z. B. *coi1*, *eds1*, *pad2*, *rar1*, *sgt1* und *sid2* wurden bereits bearbeitet. Durch Einbeziehung weiterer Ökotypen (inklusive der so genannten *nested core collections*) und von Mutanten (oder RNAi-Pflanzen) mit Defekten im Jasmonat-Signaling soll der Screen abgerundet werden.

### Mitarbeiter

**Gerit Bethke**  
Diplomandin

**Mandy Birschwilks**  
Postdoktorandin

**Jutta Elster**  
Technische Assistentin

**Anja Halbauer**  
Diplomandin

**Franziska Handmann**  
Doktorandin

**Jan Heise**  
Postdoktorand

**Sylvia Krüger**  
Technische Assistentin

**Stefanie Ranf**  
Doktorandin

**Christel Rülke**  
Technische Assistentin

**Rita Schlichting**  
Doktorandin

**Claudia Spielau**  
Doktorandin

**Tino Unthan**  
Doktorand

**Ivy Widjaja**  
Doktorandin

## AG Induzierte Pathogenabwehr

Leiter: Dierk Scheel & Sabine Rosahl

### Mitarbeiter

**Simone Altmann**

Diplomandin / Doktorandin

**Lennart Eschen-Lippold**

Doktorand

**Vincentius A. Halim**

Doktorand

**Jörn Landtag**

Doktorand

**Grit Rothe**

Postdoktorandin

**Jenny Teutschbein**

Diplomandin

**Angelika Weinel**

Technische Assistentin

**Annett Weinert**

Diplomandin

**Lore Westphal**

Postdoktorandin

**Dorothea Wolf**

Diplomandin

Der Oomycet *Phytophthora infestans* ist der Erreger einer der wichtigsten Krankheiten der Kartoffel, der Kraut- und Knollenfäule. Im Mittelpunkt der Arbeiten steht die Untersuchung von Mechanismen der pflanzlichen Abwehr gegen *P. infestans*. Dabei werden Reaktionen der Wirtspflanze Kartoffel sowie der Nichtwirtspflanze *Arabidopsis thaliana* analysiert. Es soll zum einen die Bedeutung von Signalmolekülen für die Aktivierung der Pathogenantwort der Kartoffel analysiert und zum anderen sollen Arabidopsismutanten mit veränderter Nichtwirts-Resistenz isoliert werden.

In Kartoffelblättern akkumulieren nach Pathogenbefall neben dem Signalmolekül Salicylsäure auch Oxylipine, die durch Einführung von molekularem Sauerstoff in mehrfach ungesättigte Fettsäuren durch 9- bzw. 13-Lipoxygenasen und durch Umwandlung der entstehenden Hydroperoxy-Fettsäuren synthetisiert werden. Oxylipine spielen eine Rolle bei der Pathogenabwehr als Signalmoleküle oder als antimikrobielle Substanzen. Ein Screening von 49 verschiedenen Oxylipinen zeigte für 18 eine signifikante inhibitorische Wirkung auf das Mycelwachstum bzw. auf die Keimungsrate von *P. infestans*.

Transgene Pflanzen, die RNA-Interferenz-Konstrukte von Oxylipin-Biosynthesegenen exprimieren, zeigen veränderte Oxylipinmuster nach Pathogenbefall. Pflanzen mit reduzierten Mengen an Jasmonsäure, einem Produkt des 13-Lipoxygenase-Wegs, sind anfälliger gegenüber *P. infestans*, was auf eine Rolle der Jasmonsäure für die basale Pathogenabwehr der Kartoffel schließen lässt. Auch Salicylsäure ist für die Abwehr gegen *P. infestans* von Bedeutung, da transgene Pflanzen, die keine Salicylsäure mehr akkumulieren können, ein signifikant höheres Wachstum des Oomyceten erlauben.

Kartoffelpflanzen sind in der Lage, den Oligopeptidelicitor Pep-13 aus *Phytophthora* zu erkennen und mit spezifischen Abwehrreaktio-

nen, wie dem *oxidative burst*, der Akkumulation von Jasmon- und Salicylsäure, Abwehrgenaktivierung und hypersensitiven Zelltod zu reagieren. Auch für die Aktivierung dieser Abwehrreaktionen sind sowohl Jasmonsäure als auch Salicylsäure notwendig.

*Arabidopsis thaliana* ist resistent gegen Infektionen mit *P. infestans*. Daher soll die Untersuchung der Interaktion zwischen *A. thaliana* und *P. infestans* Aufschluss über Mechanismen der Nichtwirts-Resistenz geben. In Wildtyp-Pflanzen wird das Pathogenwachstum nach versuchter Penetration gestoppt, während die Penetrationsmutante *pen2*, die als Mutante der Nichtwirts-Resistenz gegen *Blumeria graminis* f.sp. *hordei* von Volker Lipka und Paul Schulze-Lefert (Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, Köln) isoliert wurde, auf Infektion mit *P. infestans* mit verstärktem hypersensitiven Zelltod reagiert. Um weitere Gene zu identifizieren, die für die Nichtwirtsresistenz gegen *P. infestans* von Bedeutung sind, wurde eine mutagenisierte *pen2*-Population hergestellt und auf Veränderungen in der Reaktion auf Infektion mit *P. infestans* analysiert. Von 70.000 untersuchten Pflanzen zeigten 14 einen verstärkten hypersensitiven Zelltod, einige zudem erhöhte Penetration von Epidermiszellen und vermehrtes Wachstum des Oomyceten. Zurzeit werden die betroffenen Gene für acht der Mutanten kartiert.

## AG Metallhomöostase

Leiter: Stephan Clemens

**Pflanzen müssen – wie alle anderen Lebewesen – die intrazelluläre Konzentration von essentiellen, jedoch potentiell toxischen Schwermetallen wie Zink oder Kupfer sehr genau regulieren. Außerdem müssen sie die Konzentrationen nichtessentieller, toxischer Schwermetalle (z.B. Cadmium) möglichst gering halten. Dies wird durch ein Netzwerk von Transport-, Chelatierungs- und Sequestrierungsprozessen erreicht. Projekte dieser Gruppe zielen auf die molekulare Charakterisierung von Komponenten der pflanzlichen Metallhomöostase, -toleranz und -hyperakkumulation durch Untersuchungen an *Arabidopsis thaliana*, dem auf mittelalterlichen Halden im Harz vorkommenden Metallophyten *Arabidopsis halleri* und der Spaltheife *Schizosaccharomyces pombe* als zellulärem Modellsystem.**

Ein methodischer Ansatz unserer Arbeiten an *A. halleri* ist die vergleichende Transkriptom-Analyse mittels DNA-Chips. Dies hat bereits zu einigen Erkenntnissen über ausgeprägte Unterschiede in der Aktivität von Metallhomöostase-Genen der beiden *Arabidopsis*-Arten geführt. Wir haben die Untersuchungen durch die Analyse von transkriptionellen Antworten auf erhöhte Metallkonzentrationen ausgeweitet. Dies hat Einsichten in konservierte und artspezifische Veränderungen unter Stress erbracht.

Wegen der angenommenen Bedeutung veränderter Genaktivität in *A. halleri* analysieren wir die Promotoren einiger Metallhomöostase-Gene im Detail. Dies geschieht in transgenen *A. thaliana*-Linien. Unter anderem sind deshalb eine Reihe von Linien mit verkürzten Versionen der *A. halleri*-Promotoren hergestellt worden, um so zur Identifizierung von für die starke konstitutive Aktivität verantwortlichen *cis*-Elementen zu kommen.

Die genetischen Grundlagen der basalen Metalltoleranz von Pflanzen wie auch der Hypertoleranz der wenigen spezialisierten Arten auf metallreichen Standorten sind bisher kaum bekannt. Wir haben deshalb ein umfangreiches Screening von *A. thaliana* durchgeführt und konnten so eine Reihe von Mutanten isolieren, die einen Verlust der Toleranz gegenüber einem oder mehreren Metallen zeigen. Eingehende physiologische Charakterisierung der Mutanten und erste Kartierungsexperimente wurden begonnen. In einem weiteren Projekt wird die

natürliche Diversität der Metalltoleranz, -akkumulation und -verteilung in *A. thaliana* untersucht. Dabei sind signifikante Unterschiede insbesondere in der Zn und Cd-Toleranz zwischen Ökotypen gefunden worden.

Die Bildung von Phytochelatinen (PCs) aus Glutathion, katalysiert durch das Enzym Phytochelatinsynthase (PCS), ist essentiell für die Tolerierung von Cadmium- oder Arsen-Belastung durch Pflanzen, Algen, einige Pilze und Nematoden. Verfügbare Sequenzdaten deuten eine Expression von PCS-Genen bei sehr vielen Organismengruppen außerhalb der Vertebraten an. Es ist unwahrscheinlich, dass die bisher erwiesene Funktion diese weite Verbreitung erklären kann. Wir suchen daher nach weiteren Aktivitäten von Phytochelatinen und Phytochelatinsynthasen. Eine der gefundenen Spuren zur Evolution von PCS ist die funktionelle Charakterisierung eines PCS-verwandten bakteriellen Proteins, das keine PCS-Aktivität besitzt, sondern nur den formal ersten Schritt der PC-Synthese, die Abspaltung des C-terminalen Glycins, katalysiert. Unseren Kooperationspartnern in Cadarache (Frankreich) ist es mit Hilfe unserer *E. coli*-Klone gelungen, das bakterielle Protein aus *Nostoc spec.* zu kristallisieren. Sie haben die Struktur mit hoher Auflösung bestimmt. Diese dient uns nun als Orientierung für die gezielte Generierung von PCS-Mutanten, um die Determinanten für die Peptidase- und die Transpeptidase-Aktivität zu finden und damit Einsichten in die Evolution dieser Proteinfamilie zu gewinnen.



### Mitarbeiter

**Annegret Bährecke**  
Doktorandin

**Thomas Fritsche**  
Doktorand

**Marina Häußler**  
Technische Assistentin

**Daniel Peisker**  
Diplomand

**Beate Schulz**  
Diplomandin

**Pierre Tennstedt**  
Doktorand

**Aleksandra**

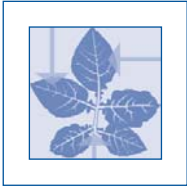
**Trampczynska**  
Postdoktorandin

**Tino Unthan**  
Diplomand

**Michael Weber**  
Postdoktorand

## AG Bioinformatik & Massenspektrometrie

Leiter: Steffen Neumann



### Mitarbeiter

**Björn Egert**

Wissenschaftlicher Mitarbeiter

**Yvonne Pöschl**

Doktorandin

**Ralf Tautenhahn**

Doktorand

**Am IPB wird momentan eine Bioinformatik und Metabolomics Plattform etabliert, indem Datenbanken und Anwendungen für eine datengetriebene Analyse und Annotation insbesondere von massenspektrometrischen Messungen erstellt werden. Dabei kommen Methoden der Mustererkennung, Datenbanktechnologien und moderne Software-Entwicklungsstrategien zum Einsatz.**

Die ersten Schritte einer Analysepipeline für Massenspektrometrie-Daten bestehen aus Signalverarbeitung und Peak-Detektion. Verschiedene Software-Pakete wurden evaluiert und mit der am Institut eingesetzten kommerziellen MetAlign Software verglichen. Mit OpenMS und XCMS wurden zwei vielversprechende Software-Pakete ausgewählt und im Testbetrieb eingesetzt.

Basis für Massenspektrometrie-Analysen im Hochdurchsatz ist die Entwicklung von Datenbanken für Roh- und Metadaten. Hier kooperieren wir eng mit den Standardisierungsgremien der HUPO (*Human Proteome Organisation*) und dem EBI (*European Bioinformatics Institute*).

Die so gespeicherten Metaboliten-Daten können als phänotypisches Merkmal interpretiert werden und beschreiben unterschiedliche metabolische Zustände eines Systems, z. B. als Unterscheidung von Ökotypen oder Stresszuständen. Verschiedene in der Statistik-Sprache R implementierte hierarchische Cluster-Algorithmen wurden genutzt, um Arabidopsis-

Linien anhand von Metaboliten-Daten erfolgreich zu trennen.

Bayes-Netze werden für die Rekonstruktion metabolischer Netzwerke genutzt. Bayes-Netze sind grafische Modelle und geeignet für die Visualisierung biologischer Prozesse. Ein Bayes-Netz besteht aus einem gerichteten azyklischen Graphen für die Repräsentation der Metabolite verbunden durch Kanten mit Wahrscheinlichkeitsverteilungen für die Beziehungen. Für verschiedene Datensätze u.a. von Arabidopsis-Samen wurden erste Netze trainiert und mit den Experimentatoren diskutiert. Deren Hypothesen über Zusammenhänge im Stoffwechsel der *tt4*-Mutante mit unterdrückter Chalcon-Synthase lassen sich dabei wiederfinden.

Für die Analysen wurden serverbasierte Web-Applikationen entwickelt, die eine benutzerfreundliche Bedienoberfläche zu den Datenbanken und Algorithmen bereitstellen. Auch hier wurde auf fortschrittliche Standards der Java Enterprise Architektur zurückgegriffen.

## Metabolite Profiling in Arabidopsis und Nutzpflanzen, GABI

Leiter: Stephan Clemens & Dierk Scheel

in Kooperation mit Jürgen Schmidt & Ludger Wessjohann

Diese Gruppe hat sich aus einem Projekt entwickelt, das im Rahmen der deutschen Pflanzengenom-Initiative GABI das Ziel verfolgte, für *Arabidopsis thaliana* ein umfassendes Profiling von Proteinen, Peptiden und Metaboliten zu entwickeln und sich damit Functional Genomics-Werkzeuge aufzubauen. Der Fokus liegt inzwischen auf einem Metabolite Profiling, das sich auf Flüssigchromatographie gekoppelt mit Massenspektrometrie stützt. Die gewonnenen Profile werden für die Detektion früher, stressinduzierter Veränderungen vor allem im Sekundärstoffwechsel sowie generell für die Untersuchung entwicklungs- und anpassungsbedingter Veränderungen und die biochemische Charakterisierung von Mutanten genutzt. Auch sollen die Möglichkeiten des Metabolite Profiling für die Biotechnologie von Nutzpflanzen (insbesondere Raps) eingesetzt werden.

Das Profiling von vor allem "sekundären" Metaboliten in *A. thaliana*, das sich auf Kapillar-LC gekoppelt mit Elektrospray-Ionisierung-Quadrupol-Flugzeit-Massenspektrometrie stützt (englische Abkürzung CapLC-ESI-QqTOF-MS), ist weiter optimiert und validiert worden. Das Hauptaugenmerk lag dabei auf der stationären Phase der LC, den Ionisierungsparametern, der Quantifizierung (Matrixeffekte) und der Datenanalyse. Durch die Einführung einer in Wageningen entwickelten Software (MetAlign) wurde die vorher aufgebaute LC-MS-Datenanalyse komplementiert und die Geschwindigkeit gesteigert. Dank dieser Verbesserungen konnte der Probendurchsatz erheblich gesteigert werden. Eine ACD-Datenbank für LC-MS-Spektren wurde etabliert.

In Zusammenarbeit mit anderen Gruppen sind verschiedene Arabidopsis-Mutanten auf metabolische Auffälligkeiten untersucht worden. Die meisten dieser Mutanten sind in der Pathogenresistenz verändert und das jeweils betroffene Gen legt metabolische Veränderungen nahe. Für zahlreiche Metabolite mit Abundanzveränderungen

unter bestimmten Bedingungen oder in bestimmten Mutanten wurden Tandem-MS-Analysen durchgeführt und so strukturelle Informationen generiert. Die Zahl der identifizierten Metabolite konnte damit drastisch erhöht werden. Eine ganze Reihe der gefundenen Verbindungen sind in *A. thaliana* bisher noch nicht beschrieben worden.

In Vorbereitung auf die Arbeit an Raps wurde die Samen-Metabolom-Analyse für *A. thaliana* etabliert. Nach Optimierung der Extraktion konnten viele Metabolite identifiziert werden. Die meisten Pilotexperimente zum Samen-Metabolom wurden an transparent testa-Mutanten durchgeführt. Dieses Arabidopsis-Samen-Metabolite Profiling haben wir jetzt auf Rapsamen übertragen. Die Analyse einiger transgener Linien wurde begonnen. Ziel ist es, das Ausmaß nichtintendierter metabolischer Veränderungen in Linien zu vergleichen, die entweder durch klassische Züchtung oder durch transgene Ansätze mit demselben Ziel entwickelt worden sind.

### Mitarbeiter

**Dr. Christoph Boettcher**  
Postdoktorand

**Frank Bretschneider**  
Doktorand

**Dr. Edda v. Roepenack-Lahaye**  
Postdoktorandin

**Michaela Winkler**  
Technische Assistentin





## Publikationen der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie

**Publikationen 2005**

Feilner, T., Hultschig, C., Lee, J., Meyer, S., Immink, R.G.H., Koenig, A., Possling, A., Seitz, H., Beveridge, A., Scheel, D., Cahill, D.J., Lehrbach, H., Kreuzberger, J. & Kersten, B. High-throughput identification of potential Arabidopsis MAP kinases substrates. *Mol. Cell. Proteomics* **4**, 1558-1568.

Lanquar, V., Lelievre, F., Bolte, S., Hames, C., Alcon, C., Neumann, D., Vansuyt, G., Curie, C., Schroder, A., Krämer, U., Barbier-Brygoo, H. & Thomine, S. Mobilization of vacuolar iron by AtNRAMP3 and AtNRAMP4 is essential for seed germination on low iron. *EMBO J.* **24**, 4041-4051.

Li, C.-M., Haapalainen, M., Lee, J., Nürnberger, T., Romantschuk, M. & Taira, S. Harpin of *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* harbors a protein binding site. *Mol. Plant Microbe Interact.* **18**, 60-66.

Lipka, V., Dittgen, J., Bednarek, P., Bhat, R., Wiermer, M., Stein, M., Landtag, J., Brandt, W., Rosahl, S., Scheel, D., Llorente, F., Molina, A., Parker, J., Somerville, S. & Schulze-Lefert, P. Pre- and postinvasion defenses both contribute to nonhost resistance in Arabidopsis. *Science* **310**, 1180-1183.

Miersch, J., Neumann, D., Menge, S., Bärlocher, F., Baumbach, R. & Lichtenberger, O. Heavy metals and thiol pool in three strains of *Tetracladium marchalianum*. *Mycological Progress* **4** (3), 185-194.

Miroshnichenko, S., Tripp, J., zur Nieden, U., Neumann, D., Conrad, U. & Manteuffel, R. Immunomodulation of function of small heat shock proteins prevents their assembly into heat stress granules and results in cell death at sublethal temperatures. *Plant J.* **41**, 269-281.

Overmyer, K., Brosché, M., Pellinen, R., Kuittinen, T., Tuominen, H., Ahlfors, R., Keinänen, M., Saarma, M., Scheel, D. & Kangasjärvi, J. Ozone-induced programmed cell death in the Arabidopsis radical-induced *cell death1* mutant. *Plant Physiol.* **137**, 1-13.

Racape, J., Belbahri, L., Engelhardt, S., Lacombe, B., Lee, J., Lochmann, J., Marais, A., Michel, N., Nürn-

berger, T., Parlange, F., Puvarel, S. & Keller, H. Ca<sup>2+</sup>-dependent lipid binding and membrane integration of PopA, a harpin-like elicitor of the hypersensitive response in tobacco. *Molecular Microbiology*, **58** (5), 1406-1420.

\*Weigel, R.R., Pfitzner, U.M. & Gatz, C. Interaction of NIMIN1 with NPR1 modulates PR gene expression in Arabidopsis. *Plant Cell* **17**, 1279-1291.

Zöllner, F., Neumann, S., Kummert, S. & Sagerer, G. Database driven test case generation for protein-protein docking. *Bioinformatics* **21** (5), 683-684.

**Publikationen im Druck**

Krämer, U. & Clemens, S. Functions and homeostasis of zinc, copper and nickel in plants. *Topics in Current Genetics*.

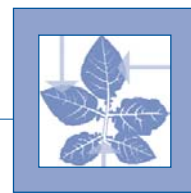
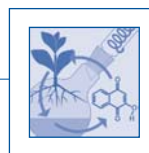
Prost, I., Dhondt, S., Rothe, G., Vicente, J., Rodriguez, M.J., Kift, N., Carbonne, F., Griffith, G., Esquerré-Tugayé, M.T., Rosahl, S., Castresana, C., Hamberg, M. & Fournier, J. Evaluation of the antimicrobial activities of plant oxylipins supports their involvement in defense against pathogens. *Plant Physiol.*

Tautenhahn, R., Ihlow, A. & Seiffert, U. Adaptive feature selection for classification of microscope images. *Proceedings WILF*.

**Bücher und Buchkapitel im Druck**

Clemens, S., Böttcher, C., Franz, M., Willscher, E., v. Roepenack-Lahaye, E. & Scheel, D. Capillary HPLC coupled to electrospray ionization quadrupole time-of-flight mass spectrometry. In: *Plant Metabolomics*, (Saito, K., Willmitzer, L. & Dixon, R. eds.) Springer Verlag, Heidelberg.

\* Dr. Ralf Weigel arbeitet seit Juli 2005 am IPB. Die hier aufgeführte Publikation beruht auf Arbeiten, die er am Albrecht-von-Haller Institut an der Universität Göttingen durchgeführt hat.





## Abteilung Sekundärstoffwechsel

Leiter: Professor Dieter Strack

Sekretärin: Ildikó Birkás

Im Zentrum unserer Forschungsarbeiten steht die Untersuchung der molekularen Regulationsmechanismen des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels. Dabei konzentrieren wir uns besonders auf Phenylpropanoide und Isoprenoide. Die Arbeiten beinhalten sowohl die Isolierung und Charakterisierung von Enzymen und der kodierenden cDNAs als auch die Aufklärung der Regulation der zell- und gewebespezifischen Genexpression. In verschiedenen Projekten werden pflanzliche Transferasen bearbeitet. Dazu gehören Malat- und Cholin-Hydroxyzimtsäure (HCA)-Transferasen und verschiedene HCA-Glucosyltransferasen aus Arabidopsis und Raps (Arbeitsgruppe *Phenylpropanstoffwechsel*) sowie Methyltransferasen aus dem Eiskraut (Arbeitsgruppe *Metabolite Profiling & Enzymbiochemie*). Wesentliche Ziele dieser Arbeiten sind die Ermittlung der Struktur-Funktionsbeziehungen der Enzyme und die Aufklärung des evolutionären Ursprungs der kodierenden Gene. HCA-Transferasen, die  $\beta$ -Acetalester als Acyldonatoren akzeptieren, konnten als Serin-Carboxypeptidase-ähnliche (SCPL) Acyltransferasen klassifiziert werden. Durch Strukturmodellierung der HCA-Transferasen konnten erste molekulare Vorstellungen zu den Substratspezifitäten gewonnen werden. Die Kristallisation einer Methyltransferase aus dem Eiskraut ermöglichte die Aufklärung der dreidimensionalen Struktur des Enzyms. In gentechnologischen Arbeiten an Raps (Arbeitsgruppe *Phenylpropanstoffwechsel*) ist es gelungen, durch Transformation mit einem dsRNAi-Konstrukt zur Suppression eines HCA-Glucosyltransferase-Gens den Gehalt an antinutritiven Samen-Bitterstoffen drastisch zu senken.

Weitere Arbeiten zielen auf die Aufklärung metabolischer Veränderungen und der Rolle pflanzlicher Sekundärstoffe in Interaktionen der Pflanze mit ihrer Umwelt. In der Arbeitsgruppe *Zellbiologie der Mykorrhiza* wird die Rolle von Phytohormonen, wie z. B. Jasmonaten, und Veränderungen cytologischer Strukturen, insbesondere der Plastiden, in mutualistisch-symbiotischen Wurzel-Pilz-Interaktionen in arbuskulären Mykorrhizen, untersucht. Die Arbeitsgruppe *Molekulare Physiologie der Mykorrhiza* analysiert die Biosynthese (differenzielle Genexpression) und den Abbau von Carotinoiden in mykorrhizierten Wurzeln. Diese Projekte werden verstärkt durch Untersuchungen der Arbeitsgruppe *Metabolite Profiling & Enzymbiochemie*, in denen umfassende Analysen der Veränderungen der Primär- und Sekundärstoffmuster durchgeführt werden. Ziel dieser Arbeiten ist die Aufklärung der molekularen Interaktionen, die die Entwicklung und die erfolgreiche Etablierung der arbuskulären Mykorrhiza steuern.



## AG Phenylpropanstoffwechsel

Leiter: Dieter Strack & Carsten Milkowski



### Mitarbeiter

**Alfred Baumert**

Wissenschaftlicher Mitarbeiter

**Kathleen Clauß**

Doktorandin

**Claudia Horn**

Technische Assistentin

**Dirk Meißner**

Doktorand

**Juliane Mittasch**

Doktorandin

**Ingrid Otschik**

Technische Assistentin

**Diana Schmidt**

Doktorandin

**Felix Stehle**

Doktorand

Hydroxyzimtsäuren (HCAs) sind zentrale Vorstufen für sekundäre Pflanzenstoffe wie Flavonoide, Stilbene, Cumarine oder Lignine, die aber auch in Form ihrer Ester oder Amide vorkommen. Im Mittelpunkt unserer Arbeiten steht der Stoffwechsel von Sinapoylcholin (Sinapin) und Sinapoylmalat, die in Samen bzw. Blättern von Brassicaceen akkumulieren. Diese Ester werden durch Transacylierung von HCA-Glucoseestern synthetisiert. In den Samen sind die Enzyme UDP-Glucose:Sinapinsäure-Glucosyltransferase (BnSGT1) und Sinapoylglucose:Cholin-Sinapoyltransferase (BnSCT) von zentraler Bedeutung. Während der Keimung wird Sinapin durch die Sinapinesterase (SCE) hydrolysiert. Die Suppression von BnSGT1 führte zur drastischen Absenkung des antinutritiven Sinapins und anderer Sinapat-Ester in Rapssamen (*Brassica napus*). Arbeiten zur molekularen Evolution von Serin-Carboxypeptidase-ähnlichen Acyltransferasen, z.B. BnSCT, haben die Aufklärung von Struktur-Funktionsbeziehungen dieser Enzyme zum Ziel.

Durch Transformation mit einem dsRNAi-Konstrukt zur samenspezifischen Suppression von BnSGT1 konnten transgene Rapslinien erzeugt werden, die einen deutlich verringerten Sinapingehalt (20% im Vergleich zu Wildtyp-Pflanzen) aufweisen. Transkriptanalysen haben gezeigt, dass in den dsRNAi-Pflanzen die Menge an BnSGT-mRNA stark verringert ist. Dieser Suppressionseffekt hält in der jungen Keimpflanze an und bewirkt, dass in den Kotyledonen während der ersten sieben Tage der Keimlingsentwicklung kein Sinapoylmalat akkumuliert. Dieser Mangel wird erst nach etwa zehn Tagen ausgeglichen. Von transgenen Rapspflanzen, die ein dsRNAi-Konstrukt zur simultanen Suppression von BnSGT1- und BnSCT-Genen enthalten, wurden T2-Samen in Einzelkornanalyse untersucht. In einzelnen Samen der segregierenden Population konnte eine Absenkung des Sinapingehalts um bis zu 70% festgestellt werden.

Die Expressionsmuster der bisher aus *B. napus* identifizierten Glucosyltransferase-Sequenzen weisen darauf hin, dass BnSGT1 das einzig relevante Gen für die samenspezifische Synthese von Sinapoylglucose ist. Während der Samenentwicklung von *B. napus* wird vorwiegend das *B. oleracea*-spezifische BnSGT1-Allel exprimiert. Für dieses Allel wurde ein BAC-Klon isoliert und 7,5 kb des Gen-Locus sequenziert. Die Funktion der von uns identifizierten BnSCT-cDNA konnte durch Komplementierung der SCT-defizienten Arabidopsis-Mutante *sng2* nachgewiesen werden. GUS-Fusions-Experimente in Arabidopsis bestätigten die Aktivität und Samenspezifität des isolierten BnSCT-Promotors.

Aus keimenden Rapssamen wurde das Enzym Sinapinesterase gereinigt. Von den endogenen Substraten zeigt das Enzym Präferenz für Sinapin. Ausgehend von Peptidsequenzen des gereinigten Proteins konnte die cDNA aus *B. napus* isoliert werden. Die vergleichende

Sequenzanalyse führte zur Identifizierung von homologen Genen aus Arabidopsis.

Die Arbeiten mit Arabidopsis sind darauf ausgerichtet, die Funktion der vier Gene für esterbildende HCA-GTs (*AtSGT*, *AtHCA-GT1-3*) in der Pflanze aufzuklären. Expressionsanalysen zeigen, dass alle vier Gene während der Samenentwicklung exprimiert werden, wobei das *AtSGT*-Transkript die höchste Abundanz erreicht und ein Maximum im jungen Keimling aufweist. Gemeinsames Charakteristikum aller vier HCA-GT-Gene ist die Expression auf sehr niedrigem Niveau unter Normalbedingungen. Durch UV-B-Stress wird die Expression von *AtSGT* in den Blättern stark induziert. Ziel dieser Arbeiten ist es, in den Arabidopsis-Linien mit veränderter Genexpression metabolische Veränderungen aufzuklären und daraus die biologische Bedeutung dieser Gene abzuleiten.

SCT und SMT (Sinapoylglucose:Malat-Sinapoyltransferase) sind homolog zu Serin-Carboxypeptidasen. Sequenzanalysen zeigen, dass die Glucoseester-abhängigen Acyltransferasen eine eigene Gruppe innerhalb der SCPL-Proteinfamilie bilden, die spezifisch für höhere Pflanzen zu sein scheint. Um die molekulare Ursache für den Übergang von Hydrolase- zur Acyltransferase-Funktion zu verstehen, soll die Arabidopsis-SMT kristallisiert und ihre Struktur aufgeklärt werden. Voraussetzung dafür ist ein heterologes Expressionssystem, das die Gewinnung größerer Mengen enzymatisch aktiven Enzyms ermöglicht. Durch Sequenzoptimierung und Erhöhung der Kopienzahl des Expressionsvektors konnte *Saccharomyces cerevisiae* an diese Erfordernisse angepasst werden. Die Strukturmodellierung wurde durch die Einbeziehung mehrerer bekannter Strukturen von Serin-Carboxypeptidasen wesentlich erweitert. Durch vergleichende Analyse verschiedener Strukturen und Modelle konnten die Vorstellungen zu Substratspezifität und funktionell wichtigen Aminosäurepositionen konkretisiert werden.

## AG Molekulare Physiologie der Mykorrhiza

Leiter: Michael H. Walter

Bei der arbuskulären Mykorrhiza, einer mutualistischen Symbiose zwischen Bodenpilzen und Pflanzenwurzeln, entwickeln die Pilze in den Zellen der inneren Wurzelrinde haustorienähnliche Organe (Arbuskeln), die dem Stoffaustausch dienen. Die Arbeitsgruppe untersucht die Biosynthese mykorrhizaspezifischer Apocarotinoide und versucht, deren Funktion aufzuklären. Schwerpunkt ist der erste Syntheseschritt im Methylerythritolphosphat (MEP)-Weg, der bezüglich Organisation, zellspezifischer Expression, Evolution und RNAi-vermittelter Suppression zugehöriger Gene bearbeitet wird.

Zur Aufklärung der Bedeutung und Funktion von Apocarotinoiden für die Symbiose wird eine RNAi-vermittelte Suppression der Genaktivität von *1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Synthase 2 (DXS2)* in *Medicago truncatula* untersucht. Für den von der DXS katalysierten ersten Schritt des MEP-Wegs existieren in den meisten Pflanzen zwei divergente Gene (*DXS1* und *DXS2*), von denen *DXS2* ein attraktives Objekt für unsere Zielstellung ist, da nur dieses Isozym durch Mykorrhizierung reguliert wird. Zur Transformation von Wurzeln mittels *Agrobacterium rhizogenes* (hairy roots) wird das pRNAi/pRedRoot-Vektorsystem mit DsRED1 als Fluoreszenzmarker verwendet. Erste Ergebnisse dieser Strategie zeigen eine Korrelation von verminderten Transkriptniveaus der *MtDXS2* mit einer signifikanten Reduktion der Apocarotinoidgehalte in *M. truncatula*-hairy roots, verbunden mit einem deutlichen Rückgang von Mykorrhizastrukturen nach neun Wochen Kolonisierung. Die Veränderung der Mykorrhizierung bei signifikanter Absenkung von zwei unterschiedlichen Carotinoid-Spaltprodukten ( $C_{13}$ -Cyclohexanon- und  $C_{14}$ -Mycorradicinderivate) nach neun Wochen Mykorrhizierung konnte über die parallele Reduktion anfärbbarer Pilzstrukturen, eines pilzspezifischen Zuckers (Trehalose) und eines pilzlichen molekularen Markers für funktionelle Arbuskeln (Transkriptniveaus von *MtPT4*) gezeigt werden. Eine Kolonisierung über sieben Wochen zeigte ebenfalls reduzierte Apocarotinoidkonzentra-

tionen, aber weniger deutliche Auswirkungen auf die Mykorrhiza.

Der Evolutionsaspekt divergenter *DXS*-Gene wurde an Gymnospermen im System *Picea abies* weiter bearbeitet und auf Moose (*Physcomitrella patens*) ausgeweitet. Bisherige Ergebnisse weisen überraschend auf eine höhere Komplexität der *DXS*-Genorganisation in diesen evolutionsgeschichtlich älteren Pflanzen gegenüber den bisher untersuchten Angiospermen hin. Für *P. abies* wurde in Zusammenarbeit mit Michael Philipps (Max-Planck-Institut für chemische Ökologie, Jena) die Existenz von differentiell regulierten Orthologen für *DXS1* und *DXS2* der Angiospermen gezeigt. Zusätzlich gibt es eine weitere Aufspaltung innerhalb der *DXS2*-Klasse, die in Gymnospermen verbreitet zu sein scheint und in Form verschiedener Transitpeptide und nur zu etwa 86% identischer reifer *DXS2*-Proteine auftritt. Im Moos *P. patens* konnten vier eng verwandte *DXS*-Gene nachgewiesen werden.

Ein Projekt zum Nachweis zellspezifischer differenzieller Akkumulation von *DXS*-Proteinen wurde im System Tomate neu begonnen. Hier wird aktuell versucht, spezifische Peptidantikörper für die beiden *DXS*-Isoenzyme zu generieren. Diese sollen in Immunlokalisationsexperimenten u.a. an Trichomen der Tomatenblätter eingesetzt werden.

### Mitarbeiter

**Daniela Floß**  
Doktorandin

**Kerstin Manke**  
Technische Assistentin

**Heike Paetzold**  
Doktorandin

## AG Zellbiologie der Mykorrhiza

Leiterin: Bettina Hause

### Mitarbeiter

**Thomas Fester**  
Postdoktorand

**Susann Gürtler**  
Studentin im Praxissemester

**Ulrike Huth**  
Technische Assistentin

**Paul Knick**  
Diplomand

**Dagmar Knöfel**  
Technische Assistentin

**Swanhild Lohse**  
Doktorandin

**Cornelia Mrosk**  
Doktorandin

**Anja Nickstadt**  
Postdoktorandin

**Sara Schaarschmidt**  
Doktorandin

**Rostand Tonleu Tonfack**  
Diplomand

**Carola Tretner**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Zellbiologische Aspekte bei Ausbildung der arbuskulären Mykorrhiza (AM) bilden den Fokus unserer Arbeiten. Die mögliche Funktion von Jasmonsäure (JA) bei der Etablierung dieser Symbiose soll mittels reverser Genetik analysiert werden. Außerdem wird der Einfluss eines transgen veränderten Kohlenhydrat-Status auf die Mykorrhizierung untersucht. Weitere Analysen betreffen die Proliferation der Plastiden während der AM.**

Die Allenoxidcyclase (AOC) ist das Schlüsselenzym der JA-Biosynthese. Nach Isolation und Charakterisierung einer cDNA für dieses Enzym aus *Medicago truncatula* (*MtAOC1*) wurde die cDNA zur konstitutiven Überexpression bzw. zur Suppression der AOC in *Medicago*-Wurzeln verwendet. Hierfür nutzten wir die Methode der Wurzeltransformation, bei der chimäre Pflanzen mit Wildtyp-Spross und transgener Wurzel entstehen. Es wurden Vektoren unter Verwendung des Plasmids pRedRoot erstellt, die eine Selektion der transgenen Wurzeln mittels der Fluoreszenz von DsRED ermöglichen. Die Suppression der *MtAOC1* führte zu Pflanzen mit einer verringerten AOC-Expression und verminderten JA-Gehalten in den Wurzeln. Diese Reduzierung im JA-Gehalt hatte eine verringerte Mykorrhizierung der Pflanzen zur Folge. Um die mögliche Funktion der JA in der Mykorrhizierung zu klären, werden transgene mykorrhizierte Wurzeln für die Analyse des Transkript-Profiles (Zusammenarbeit mit Helge Küster, Universität Bielefeld) und der Akkumulation von Metaboliten (Zusammenarbeit mit Willibald Schliepmann, IPB Halle) genutzt. Zur Analyse der Rolle von JA in einer tripartiten Interaktion wurde das Pflanze-Pathogen-System *M. truncatula*/*Aphanomyces euteiches* in unserem Labor etabliert. Für die Bestimmung der simultanen Kolonisierung von *M. truncatula* mit *Glomus intradicis* und *A. euteiches* entwickelten wir eine molekularbiologische Methode auf Basis der qRT-PCR unter Verwendung der entsprechenden rRNA-Sequenzen.

Der Anstieg im JA-Gehalt während der Ausbildung der AM könnte auch Folge der verstärkten Sink-Wirkung mykorrhizierter Wurzeln

sein. Deshalb wurden verschiedene transgene Tabaklinien, die eine Hefe-Invertase exprimieren, genutzt, um den Kohlenhydrat-Status in den Wurzeln zu ändern (Zusammenarbeit mit Uwe Sonnewald, Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben). Die Erhöhung des Hexose-Saccharose-Verhältnisses hatte jedoch keinen Einfluss auf die Mykorrhizierung, wie mittels mikroskopischer, biochemischer und molekularer Methoden festgestellt wurde. Im Gegensatz dazu führte eine Verringerung der Hexose-Versorgung der Wurzeln durch die Überexpression einer Pyrophosphatase zur Verringerung der Mykorrhizierung.

### Proliferation der Plastiden

Auf die Kolonisierung einer Kortezelle durch eine Arbuskel reagieren die Plastiden zunächst mit einer intensiven Teilungsaktivität. Die dabei entstehenden linsenförmigen Plastiden sind vermutlich für die Biosynthese von Fett- und Aminosäuren für den Aufbau der periarbuskulären Membran verantwortlich. Beim Abbau der symbiotischen Strukturen hingegen bilden sich ausgedehnte längliche Plastiden. Da auch zu diesem Zeitpunkt eine beträchtliche Anzahl von Ringen des Plastidenteilungsproteins FtsZ zu beobachten ist, könnte diese Phase durch eine wiederholte Teilung und Verschmelzung einzelner länglicher Plastiden gekennzeichnet sein. Ein metabolisches Charakteristikum der Plastiden der späten Phase ist die zu diesem Zeitpunkt ablaufende Bildung von Apocarotinoiden. Da diese Phase offensichtlich von besonderer Bedeutung für das Verständnis dieses Stoffwechselprozesses ist, steht die Analyse des Arbuskelabbaus im Zentrum zukünftiger Arbeiten.

## AG Metabolite Profiling & Enzymbiochemie

Leiter: Willibald Schliemann

**Die Veränderungen in den Primär- und Sekundärstoffen während der Etablierung der arbuskulären Mykorrhiza im Modellsystem *Medicago truncatula*/ *Glomus intraradices* werden durch Metabolite Profiling charakterisiert. Das Ziel ist das funktionelle Verständnis der Zusammenhänge zwischen der mykorrhizaspezifischen Genexpression und den Metabolitenprofilen. O-Methyltransferasen (OMTs) des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels sind maßgeblich für die Vielfalt pflanzlicher Naturstoffe verantwortlich. Durch Ermittlung von 3D-Proteinstrukturen sollen Fragen zur Substratspezifität und zur molekularen Evolution kationenabhängiger OMTs geklärt werden.**

GC/MS-, LC/ESI-MS- und HPLC-Metaboliten-daten der Wurzeln von Pflanzen mit unterschiedlicher Phosphatgabe wurden mit denen der mykorrhizierten Wurzeln zunehmenden Alters verglichen. Die statistische Auswertung der MS-Daten erfolgte auf der Basis charakteristischer Fragment-Ionen. Die GC/TOF-MS-Daten der Hexanextrakte ergaben mit Hilfe eines rekursiven Identifikationsverfahrens Serien von gerad- und ungeradzahlig gesättigten Fettsäuren (C<sub>8</sub>–C<sub>26</sub>) und Fettalkoholen (C<sub>10</sub>–C<sub>24</sub>). Zusätzlich wurden ungesättigte Fettsäuren (C<sub>16</sub>, C<sub>18</sub>, C<sub>20</sub>), einschließlich der pilzlichen Fettsäuren, in höherer Menge späteren Zeitpunkten zugeordnet. Mittels LC/MS konnten 21 Saponine durch Vergleich mit Literaturdaten strukturell zugeordnet und zwei neue malonylierte Saponine aufgefunden werden. Die mykorrhizaspezifischen Cyclohexenonderivate wurden als Blumenol C- und 13-Hydroxyblumenol C-glucoside und deren Malonylkonjugate identifiziert. Als zellwandgebundene Phenole konnten sieben Vertreter einer Serie 4-hydroxy-, 4-hydroxy-3-methoxy- und 4-hydroxy-3,5-dimethoxy-substituierter Benzaldehyde, Benzoesäuren und Hydroxyzimtsäuren nachgewiesen und quantifiziert werden. Nur in Zellwandhydrolysaten mykorrhizierter Wurzeln wurde Tyrosol als Hauptkomponente detektiert. Die mathematische Auswertung mehrerer Mykorrhizierungsparameter (Mykorrhizierungsrate, *Glomus*-rRNA und MTPT4) zwischen zwei und acht Wochen ergab ähnliche sigmoidale Zeitverläufe. Die Suppression der DXS durch dsRNAi führte zu einer starken Verminderung des "Gelben Pigments" und der Cyclohexenonderivate im Vergleich zu Kontrollen.

zierungsrate, *Glomus*-rRNA und MTPT4) zwischen zwei und acht Wochen ergab ähnliche sigmoidale Zeitverläufe. Die Suppression der DXS durch dsRNAi führte zu einer starken Verminderung des "Gelben Pigments" und der Cyclohexenonderivate im Vergleich zu Kontrollen.

### O-Methyltransferasen

Die Mg<sup>2+</sup>-abhängige Phenylpropan- und Flavonoid methylierende PFOMT aus *Mesembryanthemum crystallinum* gehört zu einer Untergruppe regiospezifischer Methyltransferasen, die vicinale Dihydroxygruppen zahlreicher Substrate methylieren. Erfolgreiche Kristallisation und 3D-Röntgenstrukturanalyse der PFOMT zeigten eine dimere Struktur sowie hohe Ähnlichkeiten zu einer homologen, aber spezifischen Caffeyl-CoA-OMT aus *Medicago sativa*. In beiden Fällen ist die genaue Anordnung des N-Terminus nicht geklärt, der im Falle der PFOMT maßgeblich an der Substratspezifität beteiligt ist. Weitere enzymatische Tests konzentrieren sich auf eine noch hypothetische Protease, die in *M. crystallinum* diesen N-Terminus vom reifen Enzym entfernt. Darüber hinaus werden (Knockout)-Mutanten dieser OMTs von *Arabidopsis thaliana* auf mögliche Änderungen im Chemo- und Phänotyp untersucht und die zell- und gewebespezifische Lokalisation redundanter Klasse I-O-Methyltransferasen mittels Immunfluoreszenz analysiert.

### Mitarbeiter

**Christian Ammer**  
Wissenschaftlicher Mitarbeiter

**Barbara Kolbe**  
Technische Assistentin

**Jakub Kopicki**  
Gastwissenschaftler

**Thomas Vogt**  
Postdoktorand



## Publikationen der Abteilung Sekundärstoffwechsel

**Publikationen 2005**

Baumert, A., Milkowski, C., Schmidt, J., Nimtz, M., Wray, V. & Strack, D. Formation of a complex pattern of sinapate esters in *Brassica napus* seeds, catalyzed by enzymes of a serine carboxypeptidase-like acyltransferase family? *Phytochemistry* **66**, 1334-1345.

Fester, T. & Hause, G. Accumulation of reactive oxygen species in arbuscular mycorrhizal roots. *Mycorrhiza* **15**, 373-379.

Fester, T., Wray, V., Nimtz, M. & Strack, D. Is stimulation of carotenoid biosynthesis in arbuscular mycorrhizal roots a general phenomenon? *Phytochemistry* **66**, 1781-1786.

Hause, B. & Fester, T. Molecular and cell biology of arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Planta* **221**, 184-196.

Hause, G., Lischewski, S., Wessjohann, L.A. & Hause, B. Epithalone D affects cell cycle and microtubular pattern in plant cells. *J. Exp. Bot.* **56**, 2131-2137.

Hüsken, A., Baumert, A., Milkowski, C., Becker, H.C., Strack, D. & Möllers, C. Resveratrol glucoside (piceid) synthesis in seeds of transgenic oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.* **111**, 1553-1562.

Hüsken, A., Baumert, A., Strack, D., Becker, H. C., Möllers, C. & Milkowski, C. Reduction of sinapate ester content in transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) by dsRNAi-based suppression of *BnSGT1* gene expression. *Mol. Breeding* **16**, 127-138.

Isayenkov, S., Mrosk, C., Stenzel, I., Strack, D. & Hause, B. Suppression of allene oxide cyclase in hairy roots of *Medicago truncatula* reduces jasmonate levels and the degree of mycorrhization with *Glomus intraradices*. *Plant Physiol.* **139**, 1401-1410.

Kramell, R., Schmidt, J., Herrmann, G. & Schliemann, W. *N*-(Jasmonoyl)tyrosine-derived compounds from flowers of broad beans (*Vicia faba*). *J. Nat. Prod.* **68**, 1345-1349.

Liu, S., Chen, K., Schliemann, W. & Strack, D. Isolation and identification of arctiin and arctigenin in leaves of burdock (*Arctium lappa* L.) by poly-

amide column chromatography in combination with HPLC-ESI/MS. *Phytochem. Anal.* **16**, 86-89.

Lohse, S., Schliemann, W., Ammer, C., Kopka, J., Strack, D. & Fester, T. Organization and metabolism of plastids and mitochondria in arbuscular mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. *Plant Physiol.* **139**, 329-340.

Sharma, V.K., Monostori, T., Hause, B., Maucher, H., Göbel, C., Hornung, E., Hänsch, R., Bittner, F., Wasternack, C., Feussner, I., Mendel, R.R. & Schulze, J. Genetic transformation of barley to modify expression of a 13-lipoxygenase. *Acta Biol Szeged* **49**, 33-34.

Strack, D., Hartmann, T. & Kutchan, T.M. Evolution of metabolic diversity. *Phytochemistry* **66**, 1198-1199.

Stumpe, M., Carsjens, J.-G., Stenzel, I., Göbel, C., Lang, I., Pawlowski, K., Hause, B. & Feussner, I. Lipid metabolism in arbuscular mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. *Phytochemistry* **66**, 781-791.

Ziegler, J., Diaz-Chávez, M.L., Kramell, R., Ammer, C. & Kutchan, T.M. Comparative macroarray analysis of morphine containing *Papaver somniferum* and eight morphine free *Papaver* species identifies an *O*-methyltransferase involved in benzyloquinoline biosynthesis. *Planta* **222**, 458-471.

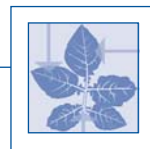
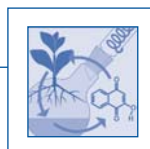
**Publikationen im Druck**

Schliemann, W., Schneider, B., Wray, V., Schmidt, J., Nimtz, M., Porzel, A. & Böhm, H. Flavonols and an indole alkaloid skeleton bearing identical acylated glycosidic groups from yellow petals of *Papaver nudicaule*. *Phytochemistry*.

Sharma, V.K., Monostori, T., Göbel, C., Hänsch, R., Bittner, F., Wasternack, C., Feussner, I., Mendel, R.R., Hause, B. & Schulze, J. Transgenic barley plants overexpressing a 13-lipoxygenase to modify oxygen lipin signature. *Phytochemistry*.

Wasternack, C., Stenzel, I., Hause, B., Hause, G., Kutter, C., Maucher, H., Neumerkel, J., Feussner, I. & Miersch, O. The wound response in tomato. Role of jasmonic acid. *J. Plant Physiol.*

Weiss, D., Baumert, A., Vogel, M. & Roos, W. Sanguinarine reductase, a key enzyme of benzophenanthridine detoxification. *Plant Cell Environ.*





## Abteilung Administration, Zentrale Dienste & Technik

Leiter: Lothar Franzen

Sekretärin: Cindy Maksimo

Zwei große Bauvorhaben prägten im vergangenen Jahr die Tätigkeiten der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik. Unter Federführung der Projektleitung Neubau wurde im April 2005 das neue Gewächshaus fertiggestellt. Mit einer Nutzfläche von rund 350 Quadratmetern soll das Treibhaus den erhöhten Ansprüchen aller vier wissenschaftlichen Abteilungen an Anbaufläche für transgene Versuchspflanzen genügen. Seit Mai 2005 werden in sieben vollklimatisierten Pflanzkammern wissenschaftliche Versuchspflanzen wie Tomaten, Mohn, Tabak und Raps gezogen. Darüber hinaus gibt es zwei Kammern für Tropenpflanzen und diverse Funktionsräume für Büroarbeiten, das Mischen von Erden und Autoklavieren. Die Pflanzkammern sind regeltechnisch auf höchstem technischen Niveau. Alle geforderten Komponenten wie Licht, Schatten, Tag- und Nachtzeiten, Temperatur und Feuchtigkeit können von einem zentralen Computer aus geregelt werden. Der Einbau von je zwei Klimageräten pro Pflanzkammer garantiert die Aufrechterhaltung der klimatischen Bedingungen bei Ausfall eines Gerätes. Die Gesamtbaukosten von 2,4 Millionen Euro wurden je zur Hälfte vom Bund und vom Land Sachsen-Anhalt getragen.

Im August wurde zudem mit dem Ersatzneubau eines Zentralen Servicekomplexes begonnen. Der Komplex wird aus zwei separaten Gebäuden bestehen, von denen eines die Mitarbeiter der Bereiche Bauunterhaltung, Handwerk und Gärtnerei beherbergen soll. Im zweiten Trakt wird es auf einer Fläche von 200 Quadratmetern Labore für Gastwissenschaftler mit biologischen und chemischen Arbeitsplätzen geben. Auch die Mitarbeiter der Arbeitsgruppen Bioinformatik, Grafik und Fotografie werden hier ihr neues Domizil finden. Für die Baukosten sind etwa 2,5 Millionen Euro veranschlagt. Die Fertigstellung wird voraussichtlich Ende 2006 erfolgen.



## Mitarbeiter der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik



### **Arbeitsgruppe Haushalt**

**Leiterin: Barbara Wolf**

Gudrun Schildberg  
Kerstin Wittenberg

### **Personalangelegenheiten**

**Leiterin: Kerstin Balkenhohl**

Alexandra Burwig  
Kathleen Weckerle

### **Allgemeine Verwaltung**

**Leiterin: Rosemarie Straßner**

Heide Pietsch  
Clemens Schinke  
Elviera Schotte

### **Auszubildende zum Verwaltungsfachangestellten**

Maike Hildebrandt  
Oliver Prudyus  
Mandy Schatkowsky

### **Bibliothek**

**Leiterin: Andrea Piskol**

Antje Werner  
Anja Gärtner,  
Auszubildende

### **Grafik & Fotografie**

**Leiterin: Christine Kaufmann**

Annett Kohlberg

### **Gebäude und Liegenschaften**

**Vorarbeiter: Michael Kräge**

Carsten Koth  
Jörg Lemnitzer  
Klaus-Peter Schneider  
Eberhard Warkus

### **Projektleitung Neubau**

**Leiterin: Heike Böhm**

Catrin Timpel

### **Geräte und Elektronik**

**Leiter: Hans-Günter König**

Holger Bartz  
Matthias Franke  
Ronald Scheller

Kevin Begrow,  
Auszubildender

Marcel Volkmann,  
Auszubildender

### **Gärtnerei**

**Kristina Rejall,**

**Leiterin Gewächshäuser J und K**

**Iris Rudisch,**

**Leiterin Gewächshaus N**

Martina Allstädt  
Christian Müller

Steffen Rudisch

Katja Scheming

Andrea Voigt

Sabine Voigt

Annett Grün,  
Auszubildende

Philipp Plato,  
Auszubildender

### **Querschnittsbereiche**

Jürgen Gaul,  
Kraftfahrer

Susanne Kubenz,  
PR-Assistentin

Sylvia Pieplow,  
PR-Referentin

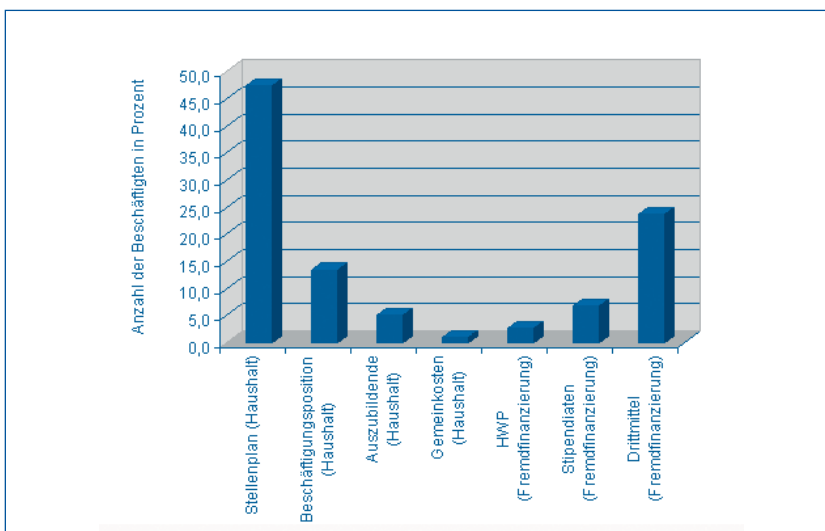
Hans-Jürgen Steudte,  
Chemikalienlager



## Stellenplan

<b>Anzahl der Mitarbeiter im Jahresdurchschnitt</b>	<b>188</b>
Anteil der Vollbeschäftigten in %	61
Anteil der Teilzeitbeschäftigten in %	39
Anzahl der Planstellen	92
Beschäftigungspositionen Haushalt	26
Über Drittmittel finanzierte Positionen (im Durchschnitt)	43
Über Hochschulwissenschaftsprogramm (HWP) finanzierte Positionen	5
Anteil der weiblichen Beschäftigten in %	58
Fluktuationsrate in %	9
Durchschnittsalter der Beschäftigten	37 Jahre
Anzahl der Gastwissenschaftler (im Durchschnitt)	27
<b>Berufsausbildung</b>	
im kaufmännischen Bereich	3
in der Gärtnerei	2
in der Bibliothek	1
in der Systemadministration	2
im Labor	2
<b>Erfolgreiche Berufsabschlüsse im Jahr 2005</b>	
in der Gärtnerei	2
Anzahl der Auszubildenden im Durchschnitt	10

## Beschäftigungsgruppen und Finanzierungsgrundlage



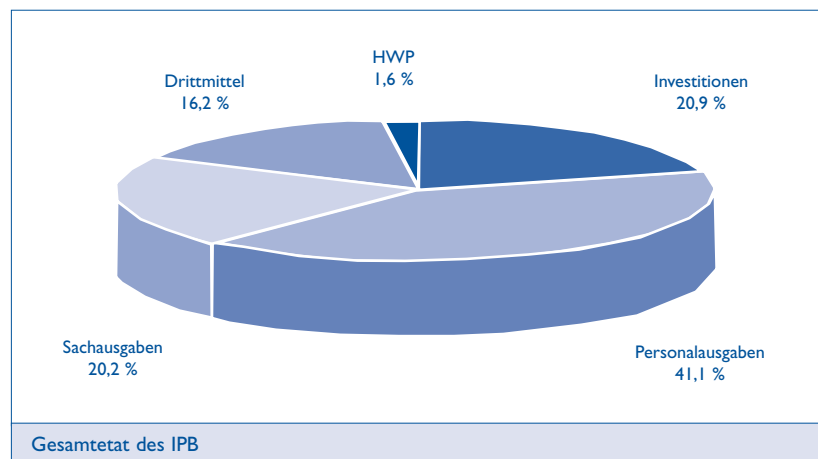
## Haushalts- und Drittmittel

Forschungsfinanzierungen auf dieser und den kommenden Seiten erfolgten durch:


<b>BASF</b>	BASF AG
<b>Bionorica</b>	Bionorica AG
<b>BMBF</b>	Bundesministerium für Bildung und Forschung
<b>DAAD</b>	Deutscher Akademischer Austauschdienst
<b>DFG</b>	Deutsche Forschungsgemeinschaft
<b>Elsevier</b>	Elsevier Science Publisher
<b>EU</b>	Europäische Union
<b>Firmenich</b>	Firmenich Company
<b>Hopsteiner</b>	Hopsteiner Company
<b>HWP</b>	Hochschulwissenschaftsprogramm
<b>Icon Genetics</b>	Icon Genetics AG
<b>MK-LSA</b>	Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt
<b>MLU</b>	Martin-Luther- Universität Halle-Wittenberg
<b>Probiodrug</b>	Probiodrug AG
<b>SFB 648</b>	Sonderforschungsbereich 648 der DFG
<b>Wella</b>	Wella AG


	in Mio. Euro	in %
<b>Grundfinanzierung</b>		
Personalausgaben	5,3	41,1
Sachausgaben	2,5	19,4
Zuweisungen / Zuschüsse	0,1	0,8
Investitionen	2,7	20,9
Hochschulwissenschaftsprogramm (HWP)	0,2	1,6
<b>Zwischensumme</b>	<b>10,8</b>	
<b>Drittmittelfinanzierung</b>		
BMBF	0,5	3,9
MK LSA	0	0,0
DFG	1,1	8,4
Industrie	0,3	2,3
EU	0,1	0,8
sonstige	0,1	0,8
<b>Zwischensumme</b>	<b>2,1</b>	
<b>Summe</b>	<b>12,9</b>	<b>100,0</b>

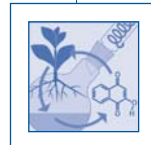
	in Millionen Euro
<b>Investitionshaushalt</b>	
Großgeräteinvestitionen gesamt	1,1
Bauinvestitionen gesamt	1,6
<b>Summe</b>	<b>2,7</b>



## Drittmiteinsatz

Projekt & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Zuwendungs-/ Auftraggeber	Anteil 2005 in Euro	Bewilligte Personalstellen
 <b>Abteilung Naturstoff-Biotechnologie</b>				
Jasmonatbiosyntheseregulation <i>C. Wasternack &amp; O. Miersch</i>	04/05	DFG	15.700	1
12-Hydroxyjasmonsäure - Tomate <i>C. Wasternack &amp; O. Miersch</i>	03/05	DFG	29.400	1
Glutamat-Cyclase <i>C. Wasternack</i>	01/05	Probiodrug	3.000	0
Allene oxide cyclase <i>C. Wasternack</i>	01/05	Firmenich	7.800	0
Analysis of genes <i>T. M. Kutchan</i>	00/05	Icon Genetics	15.900	1
Molecular genetics of isoquinoline alk.biosynth. <i>T. M. Kutchan</i>	04/05	DFG	30.100	2
Molekulare Genetik in <i>Liana Triphyoph. Pellatum</i> <i>T. M. Kutchan</i>	03/05 05/07	DFG DFG	38.000 29.600	1 1
Metabolic engineering <i>S. Frick</i>	04/06	DFG	74.600	2
12-Hydroxyjasmonat-Arabidopsis <i>C. Wasternack &amp; O. Miersch</i>	05/08	DFG/SFB 648	97.900	2
HUM-NEU <i>J. Page &amp; T. M. Kutchan</i>	03/05	Hopsteiner	22.700	1
Genexpressionsanalyse in Papaver-Spezies <i>J. Ziegler</i>	05/06	DFG	11.000	1
<b>Zwischensumme:</b>			<b>375.700</b>	<b>13</b>

 <b>Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie</b>				
HEANTOS 2 <i>Prof. L. Wessjohann</i>	05/06	BMBF	94.000	2
MCR Ligandensynthese <i>Prof. L. Wessjohann</i>	05/05	DAAD/Probral	11.500	0
Reaktivität von Selenpeptiden <i>Prof. L. Wessjohann &amp; W. Brand</i>	03/05 04/06	DFG DFG	7.500 34.000	1 1
CERC-3 <i>Prof. L. Wessjohann</i>	04/06	DFG	39.000	1
Pilzmetaboliten <i>N. Arnold &amp; J. Schmidt</i>	04/06	DFG	31.000	1






Projekt & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Zuwendungs-/ Auftraggeber	Anteil 2005 in Euro	Bewilligte Personalstellen
HUMULUS <i>L. Wessjohann</i>	03/05	Hopsteiner	9.200	0
Virtual Screening <i>L. Wessjohann</i>	04/06	Wella	84.600	1
Benzopyrane <i>L. Wessjohann</i>	05/06	Bionorica	62.400	1
Mannich-Diversity <i>B. Westermann</i>	05/07	DFG	24.500	1
Prenylierende Enzyme <i>W. Brandt &amp; L. Wessjohann</i>	05/07	DFG	9.000	1
<b>Zwischensumme:</b>			<b>406.700</b>	<b>10</b>

## Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie



Resistenz in Kartoffeln <i>D. Scheel &amp; S. Rosahl</i>	04/05	DFG	28.900	1
Metalhome <i>S. Clemens</i>	03/06	EU	91.500	1
NODO <i>S. Rosahl</i>	02/05	EU	63.300	1
Bioinformatik und Massenspektrometrie <i>D. Scheel</i>	05/07	BMBF	148.100	3
GABI-NONHOST <i>D. Scheel</i>	02/05	BASF	88.300	2
Metallhomöostase <i>S. Clemens</i>	04/06	DFG	73.400	1
GABI-GENOPLANTE <i>S. Clemens</i>	04/06	BMBF	41.200	1
SARA <i>D. Scheel</i>	04/07	BMBF	71.800	1
Mol. Kommun. von <i>R. secalis</i> <i>W. Knogge</i>	05/08	DFG SFB 648	37.900	1
Oxylipine bei Pathogenabwehr <i>S. Rosahl</i>	05/08	DFG SFB 648	37.900	1
MAPK - Kaskaden in <i>A. thaliana</i> <i>D. Scheel</i>	05/08	DFG SFB 648	103.100	2
Graduiertenprogramm Pflanzl. Proteinkomplexe <i>W. Knogge</i>	05/06	MK-LSA MLU	5.000	0
<b>Zwischensumme:</b>			<b>790.400</b>	<b>15</b>

Projekt & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Zuwendungs-/ Auftraggeber	Anteil 2005 in Euro	Bewilligte Personalstellen
 <b>Abteilung Sekundärstoffwechsel</b>				
Mykorrhizaspezifische Isoprenoide <i>M.H. Walter</i>	04/06	DFG	36.500	I
Rolle der Jasmonate bei der Ausbildung der Mykorrhiza <i>B. Hause &amp; D. Strack</i>	04/06	DFG	41.000	I
Mykorrhiza-spezifische Carotinoidbiosynthese <i>T. Fester</i>	04/06	DFG	36.500	I
Metabolite Profiling <i>W. Schliemann</i>	04/06	DFG	70.200	I
Phytochemistry <i>D. Strack</i>	02/04	Elsevier	28.000	I
HCA-Glucosyltransferasen <i>C. Milkowski &amp; A. Baumert</i>	03/05 05/06	DFG DFG	2.000 30.000	I I
SCPL-Acyltransferasen <i>C. Milkowski &amp; D. Strack</i>	03/05 05/07	DFG DFG	15.300 15.800	I I
DXS-Isoenzyme <i>M.H. Walter</i>	05/07	DFG	32.800	I
Struktur und Funktion der Sinapinesterase <i>D. Strack</i>	05/07	DFG	34.500	I
PFMOT <i>T. Voigt</i>	04/05	DFG	5.500	0
<b>Zwischensumme:</b>			<b>384.100</b>	<b>II</b>
<b>Abteilungsübergreifende Projekte</b>  				
GABI-2 <i>D. Scheel, S. Clemens, L. Wessjohann &amp; J. Schmidt</i>	04/07	BMBF	166.400	3
<b>Zwischensumme:</b>			<b>166.400</b>	<b>3</b>
<b>Bewilligte Projekte insgesamt:</b>			<b>2.087.300</b>	<b>52</b>



Forschungs- finanzierung	Anteil 2005 in Euro	Bewilligte Personalstellen
DFG / SFB	1.072.600	33
EU	154.800	2
BMBF	521.500	10
Industrie	286.100	6
sonstige	52.300	1
MK-LSA	0	0
Zwischensumme:	2.087.300	52
HWP	180.000	4
<b>Gesamtsumme:</b>	<b>2.267.300</b>	<b>56</b>

## Mitwirkung des IPB an nationalen und internationalen Forschungsnetzwerken

### **Cerc 3**

Chairmen of the European Research Councils' Chemistry Committees, *DFG-Projekt*

### **Evomet**

Evolution metabolischer Diversität, *DFG Schwerpunktprogramm 1152*

### **Gabi**

Genomanalyse im biologischen System Pflanze, *BMBF- und Wirtschaftsverbund*

### **Gabi Nonhost**

Functional Genomics pflanzlicher Nichtwirtsresistenz, *GABI 1b*

### **Metabolomics Platform**

Metabolite Profiling in Arabidopsis und Nutzpflanzen, *GABI 2*

### **Sara**

Functional Genomics lokaler und systemischer Resistenz in Arabidopsis  
*GABI, trilaterale Kooperationen, Spanien-Frankreich-Deutschland*

### **Comparative Genomics**

Comparative Genomics zwischen Arabidopsis und Raps in Bezug auf samenspezifische  
Flavonoidbiosynthese, *GABI-GénoPlante, bilaterale Kooperationen, Frankreich-Deutschland*

### **Heantos**

Vietnamesische Opiat-Detoxifikation, *BMBF Projekt*

### **Molekulare Analyse der Phytohormonwirkung**

*DFG Schwerpunktprogramm 1067*

### **Molekulare Mechanismen der Informationsverarbeitung in Pflanzen**

*Sonderforschungsbereich 648 der DFG*

### **MolMyk**

Molekulare Grundlagen der Mykorrhiza-Symbiose, *DFG Schwerpunktprogramm 1084*

### **Organokatalyse**

*DFG Schwerpunktprogramm 1179*

- *Mannich Diversity (Professor Westermann)*
- *Chalcogen Catalysts (Professor Wessjohann)*

### **Selbstorganisation durch koordinative und nichtkovalente Wechselwirkung**

*Graduiertenkolleg 894 der DFG*

### **Selenoproteine**

*DFG Schwerpunktprogramm 1087*





**Abteilung**

**Natur- und Wirkstoffchemie**

**Christiano Rodrigo Bohn Rhoden, Brasilien**

DAAD-Stipendiat  
seit 01. 10. 2004

**Dr. Carlos Boluda, Spanien**

Stipendiat Dr. Manuel Morales Stiftung  
seit 01.03. 2005

**Victor Dick, Deutschland**

Stipendiat Dr. Arnold Hueck Stiftung  
seit 01.04. 2004

**Simon Dörner, Deutschland**

Stipendiat Studienstiftung des Deutschen Volkes  
seit 01.04. 2004

**Kanchana Dumri, Thailand**

DAAD-Leibniz-Stipendiatin  
seit 01.03. 2004

**Otilie Eichler Vercillo, Brasilien**

DAAD-Stipendiatin  
seit 01.08. 2004

**Gergely Gulyas, Ungarn**

Graduiertenkolleg  
01.04. 2005 - 31.12. 2005

**Muhammed Zahik Iqbal, Pakistan**

01.01. 2005 - 25.02. 2005

**Myint Myint Khine, Myanmar**

Daimler-Benz-Stipendiatin  
seit 04.09. 2002

**Prof. Luay Rashan, Jordanien**

Humboldt-Stipendiat  
05.07. - 05.10. 2005

**Daniel Garcia Rivera, Kuba**

Graduiertenkolleg  
seit 01.10. 2003

**Jasqer Alonso Sehnem, Brasilien**

DAAD-Stipendiat  
03.10. 2004 - 02.04. 2005

**Josef Skopek, Tschechische Republik**

EMBL-Stipendiat  
04.04. - 01.07. 2005

**Professor Tran Van Sung, Vietnam**

Juli, August und Dezember 2005

Marcio Weber Paixao, Brasilien

DAAD-Stipendiat  
seit 04.10. 2005

**Dr. Heike Wilhelm, Deutschland**

Stipendiatin, Bio Service GmbH, EU und Land  
Sachsen-Anhalt  
seit 01.08. 2003

**Abteilung Naturstoff-Biotechnologie**

**Prof. Guillermina Abdala, Argentinien**

30.08. - 30.09. 2005

**Maria Luisa Diaz Chavez, Mexiko**

DAAD-Stipendiatin  
seit 01.10. 2003

**Prof. Andrzej Guranowski, Polen**

13.06. - 15.07. 2005

**Aphacha Jindaprasert, Thailand**

Stipendiatin, The Thailand Research Foundation  
seit 18.10.2004

**Dr. Mariko Oka, Japan**

04.10.2005 - 30.09. 2006

**Dr. Hilda Elisabeth Pedranzi, Argentinien**

18.04. - 30.04. 2005

**Alfonso Lara Quesada, Costa Rica**

DAAD-Stipendiat  
seit 01.04. 2003

**Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie**

**Dr. Jens Katzeck, Deutschland**

01.11. 2004 - 31.05.2007

**Dr. Emiko Harada, Japan**

22.02. 2002 - 22.07. 2005

**Karolina Pajeroska, Deutschland**

13.06. - 17.06.2005

**Ester von der Zalm, Niederlande**

Stipendiat, Graduiertenprogramm  
seit 16.12. 2005

## Seminare und Kolloquien 2005

### 13. Januar

**Prof. Udo Johannngmeier, Universität Halle**  
Genetic engineering of photosystem II: Potential role of methionine residues as antioxidants.

### 10. Februar

**Dr. Frantisek Baluska, Universität Bonn**  
Actin cytoskeleton, myosin VIII and polar transport of auxin: Lessons from maize root apices.

### 17. Februar

**Prof. Michael Bölker, Universität Marburg**  
The small GTPases Cdc42 and Rac1 regulate cytokinesis and dimorphism in the phytopathogenic fungus *Ustilago maydis*.

### 23. März

**Prof. Karsten Krohn, Universität Paderborn**  
Computerunterstützte Synthese von chiralen Bausteinen für Makrolide aus Anhydrozuckern.

### 6. April

**Prof. Karlheinz Drauz, Degussa AG Düsseldorf**  
Bedeutung der Katalyse in der industriellen Feinchemie.

### 13. April

**Prof. Uwe Conrath, TH Aachen**  
Priming in plants: It is all the world to induced disease resistance

### 14. April

**Prof. Petra Dietrich, Universität Erlangen**  
Redox regulated calcium channels in Arabidopsis mesophyll cells.

### 21. April

**Prof. Jerzy Paszkowski, Universität Genf**  
Genetics of epigenetic regulation of transcription in Arabidopsis.

### 11. Mai

**Prof. Tim Clark, Universität Erlangen**  
New concepts for theoretical studies of intermolecular interactions.

### 17. Mai

**Dr. Charl FJ Faul, Universität Bristol**  
Functional nanostructures from ionic interactions - some concepts and general principles.

### 25. Mai

**Prof. Claus E. Schäfer, Universität Kopenhagen**  
The present day importance of ligand-field theory in a historical perspective.

### 31. Mai

**PD Alexander Dömling, R&D Biopharmaceuticals GmbH, Martinsried**  
Recent advancement in multicomponent reaction chemistry.

### 2. Juni

**Prof. Kurt Eger, Universität Leipzig**  
Beiträge zur Arzneimittel(weiter)entwicklung an der Hochschule.

### 07. Juni

**Dr. Günter Hempel, Universität Halle**  
Verfolgung der Kristallisation von Seitenketten in Polymeren mittels <sup>13</sup>C-CPMAS.

### 14. Juni

**Dr. Christoph A. Schalley, Universität Bonn**  
Templateeffekte und Selbstorganisation zum Aufbau komplexerer funktionaler Strukturen.

### 15. Juni

**Prof. Karl Jug, Universität Hannover**  
Clustermodelle und Molekulardynamik: Neue Methoden für Festkörper, Oberflächen und Katalyse.

### 23. Juni

**Prof. Andrzej Guranowski, Universität Poznan**  
Uncommon dinucleotides - putative signaling compounds and enzymes involved in their metabolism.

### 6. Juli

**Prof. Christoph Schneider, Universität Leipzig**  
Stereoselektive Synthese mit chiralen Auxiliären und Katalysatoren.

### 12. Juli

**Dr. Jochen Balbach, Universität Halle**  
Untersuchung der Proteinfaltung mit NMR-Spektroskopie.

### 13. Juli

**Prof. Martin Quack, Universität Kopenhagen**  
Molekülspektroskopie und kinetische Primärprozesse zwischen Yoctosekunden und Jahrtausenden

### 4. August

**Dr. Siegbert Melzer, Universität Ghent**  
Impacts of flowering time genes on plant growth.

### 8. September

**Prof. Paola Bonfante, Universität Turin**  
Roots, mycorrhizal fungi and endobacteria: The development of an underground web.

### 15. September

**Prof. Cathie Martin, John Innes Centre, Norwich**  
The molecular genetics underpinning development of specialised pollination syndromes in Solanaceous plants.

### 20. September

**Stefan Gröger, Universität Halle**  
NMR-Anwendungsbeispiele aus der pharmazeutischen Industrie.



## 22. September

**Prof. Peter Meyer, Universität Leeds**  
Natural antisense transcripts in plants.

## 29. September

**Prof. Klaus Harter, Universität Tübingen**  
Plant two-component systems: Principles, functions, complexity and cross talk.

## 6. Oktober

**Pascal Arnoux, Laboratoire de Bioénergétique Cellulaire, CEA Cadarache**  
A papain-like enzyme at work: Native and acyl-enzyme intermediate structures in phytochelatin synthesis.

## 13. Oktober

**Prof. Sabeeha Merchant, Universität Kalifornien, Los Angeles**  
Between a rock and a hard place: Copper homeostasis in *Chlamydomonas*.

## 17. Oktober

**Prof. Zeev Luz, Weizmann Institute of Science, Rehovot**  
NMR of methyl groups in the thermal and tunneling regimes.

## 20. Oktober

**Dr. Christine Oesterhelt, Universität Potsdam**  
Living on the edge - metabolic versatility of the unicellular red alga *Galdieria sulphuraria*.

## 26. Oktober

**Dr. Matthieu Arlat, Nationalinstitut für Landwirtschaft/INRA Paris**  
Xanthomonas TonB-dependent receptors: Iron or not iron?

## 3. November

**Prof. Georg G. Gross, Universität Ulm**  
Biosynthesis of hydrolyzable plant tannins - unraveled by enzyme studies.

## 10. November

**Prof. Maarten DeWaard, Universität Wageningen**  
Functions of ABC transporters in plant pathogenic fungi.

## 16. November

**Dr. Joachim Kopka, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Golm**  
Current challenges and developments in metabolite profiling.

## 21. November

**Manfred Knörger, Universität Halle**  
*In-vivo* Beobachtung von Arzneiträgersystemen (Tabletten/Pellets) im Magen mittels Suszeptibilitätskontrast-MRT.

## 23. November

**Prof. Janos Szabad, Universität Szeged**  
The tubulin-centrosome interplay.

## 24. November

**Dr. Claude Parsot, Pasteur-Institut Paris**  
Control for transcription by the activity of the type III secretion apparatus in *Shigella flexneri*.

## 29. November

**Prof. Rainer Beckert, Universität Jena**  
Cycloamidine - wertvolle Bausteine in der Synthesechemie

## 5. Dezember

**Prof. Frank Glorius, Universität Marburg**  
Katalysator- und Reaktionsdesign für eine effiziente Synthese.

## 7. Dezember

**Prof. Bernhard Eikmanns, Universität Ulm**  
Die Bedeutung der PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Verzweigung im Stoffwechsel des Aminosäureproduzenten *Corynebacterium glutamicum*.

## 8. Dezember

**PD Peter Spiteller, TU München**  
Interaktion zwischen mykoparasitischen Pilzen und ihren Wirtspilzen - neue Ansätze zur Isolierung aktiver Naturstoffe.

## 15. Dezember

**Dr. Christian Eckmann, Max-Planck-Institut für Molekulare Zellbiologie und Genetik Dresden**  
Regulating germ cell fate switches at the translational level - a theme of GoLD.

## 19. Dezember

**Dr. Thomas Brüninger, Universität Halle**  
Exotische Anwendungen der NMR-Spektroskopie.





## Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Leiterin: Sylvia Pieplow

Assistentin: Susanne Kubenz

Im Mittelpunkt der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit stand in diesem Jahr die grundlegende Neugestaltung unserer Inter- und Intranetseiten, die sowohl das Layout als auch die Navigation und das Konzept umfasste. Darüber hinaus wurde die Pressearbeit mit gleichbleibend hohen Ansprüchen umgesetzt. Zu den wichtigsten Aspekten zählen die hohe Präsenz des IPB in regionalen und überregionalen Medien, der enge Kontakt zu haleschen Gymnasien und die erneute Teilnahme des Instituts als Aussteller an der diesjährigen BIOTECHNICA in Hannover. Als jährliches Highlight wurde auch in diesem Jahr die Lange Nacht der Wissenschaft von den Mitarbeitern der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit erfolgreich organisiert und koordiniert. Mit vier Kunstausstellungen am Institut gaben wir nicht nur heimischen Künstlern die Möglichkeit unsere Wände mit ihren Fotos zu verschönern, sondern nutzten gleichzeitig die Gelegenheit, die Präsenz des IPB in der Öffentlichkeit und in den lokalen Medien zu erhöhen.

### Neue Homepage mit TYPO 3

Unsere neue Internetpräsenz wurde gemeinsam mit den Mitarbeitern der Arbeitsgruppe Geräte- und Elektrotechnik nach dem neuesten Stand der Technik mit dem Content Management System TYPO 3 entwickelt. Durch die Vergabe spezieller Administratorrechte ermöglicht dieses System eine schnelle, unkomplizierte und voneinander unabhängige inhaltliche Aktualisierung einzelner Bereiche durch mehrere autorisierte Personen. Die Unterlegung der Seiten mit einer Mitarbeiter- und einer Publikationsdatenbank soll künftig dazu beitragen, auftretende Aktualisierungsprobleme, die sich generell z.B. aus einer hohen Fluktuationsrate oder einem ständigen Hinzukommen neuer Publikationen ergeben, in minimalen Grenzen zu halten. Die alten Webseiten wurden am 15. Juli erfolgreich durch die neuen ersetzt. Sie waren voll funktionsfähig und wurden von den meisten Mitarbeitern gut angenommen. Geschuldet durch die enorme Datenmenge und die Dynamik des Mediums gibt es jedoch noch einige Kritikpunkte, an deren Beseitigung und Verbesserung wir derzeit arbeiten.

### IPB als Drehort

Für den Mitteldeutschen Rundfunk hat sich unser Institut zu einem attraktiven Standort für Dreharbeiten entwickelt. 2005 wurden am IPB mehrere Fernsehbeiträge produziert. So gab am 20. Januar Dr. Thomas Voigt vor laufender Kamera ein Interview zum Thema Sekundäre Pflanzenstoffe in der menschlichen Ernährung für die Sendung *Hauptsache Gesund*. Am 31. August diente das IPB und Akteur Dr. Wolfgang

Knogge als Kulisse für einen kurzen Beitrag über Forschungszuwendungen der Landesregierung für die Kurznachrichten der Sendung *Sachsen-Anhalt heute*. Ebenfalls für *Sachsen-Anhalt heute* wurden unsere Chemiker Dr. Norbert Arnold und Professor Ludger Wessjohann am 15. Dezember mit einem Beitrag über neue antibiotisch wirksame Substanzen aus Pilzen in Szene gesetzt.

### Kunst am IPB

#### Fotos von Ralf Kummer

Gleich zu Beginn des Jahres überraschte uns Ralf Kummer mit seinen außergewöhnlichen Digitalaufnahmen von Blüten und technischen Laborgeräten. Bei der Gestaltung seiner Bilder überließ der Hallenser Hobbyfotograf nichts dem Zufall: Angefangen vom Motiv aus mitunter sehr ungewöhnlichem Blickwinkel bis hin zu der oft schwierigen Auswahl der Passepartouts und Rahmen. Jedes seiner Bilder zeigte eine feinbalancierte Komposition aus Farben und Materialien, die das Auge des Betrachters in ihrer Stimmigkeit erfreute. Seine Fotos waren vom 20. Januar bis zum 17. Februar am Institut ausgestellt.

### Die Natur am Brocken

#### CD und Fotos von Thomas Fester

Zu einem öffentlichen Vortrag über die bizarre Pflanzenwelt des Hochharzes hatte am 21. September Dr. Thomas Fester, Wissenschaftler der Abteilung Sekundärstoffwechsel, ins IPB geladen. Der visuelle Streifzug diente der Vorstellung seiner neuen interaktiven Lern-CD *Die Natur am Brocken*. Zahlreiche Gäste, auch von außerhalb des IPB, waren zu dieser spannenden



Kühler  
Ralf Kummer



Exkursion in die Wälder und Hochmoore des Harzes erschienen. Neben vielen Fakten zu klimatischen Besonderheiten, Biotopen und geologischer Entstehung des Mittelgebirges stand natürlich die spezielle Flora mit ihren vielen geschützten Pflanzenarten im Mittelpunkt des Programms. Fester, der sich schon mit der Mykorrhiza-CD einen Namen in der multimedialen Welt gemacht hat, bot mit der Brocken-CD eine botanische Bestandsaufnahme, die durch ihre Vielseitigkeit besticht. Insgesamt 700 Pflanzenfotos und Landschaftsbilder kann man auf der CD, wahlweise auch als Diashow, betrachten. Die schönsten Fotos zierten auch die Flure des IPB und konnten bis zum 10. Oktober hier besichtigt werden.

#### **Hortus Botanicus Grüne Oase inmitten den Stadt**

Blütenmotive und exotische Gewächse des Botanischen Gartens waren vom 13. Oktober bis Ende November am Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie zu sehen. Die Pflanzenportraits der Hallenser Fotografin Gudrun Hensling entstanden hauptsächlich in der Zeit von 1978-1994, während ihrer Tätigkeit als Fotografin am Institut für Geobotanik. Viele Hallenser kennen Frau Hensling als emsige Portraitistin heimischer Fassaden. Mit dieser Ausstellung präsentierte die ehemalige Stadtfotografin nicht nur die blumige Seite ihres Repertoires, sondern auch ein Stück ihrer Lebensgeschichte. Passend zum Thema hatte der Kustos des Botanischen Gartens Matthias Hoffmann die Ausstellung mit Leihgaben an exotischen pflanzlichen Lebendexemplaren bereichert.

#### **Peißnitz – 1 Jahr, 1x täglich**

Mit Impressionen und stimmungsvollen Landschaftsaufnahmen des nahe gelegenen Stadtparks Peißnitz begleitete uns die Berliner Hobbyfotografin Beate Nixdorf durch den Winter. Die Fotos, die innerhalb eines Jahres auf dem täglichen Dienstweg entstanden, zeugen von einem Menschen, der nicht achtlos am Spiel der Elemente vorübergeht. Aus ihrem alltäglichen Dialog mit Nebel, Licht und Schatten erwachsen nichtalltägliche Bilder von märchenhafter Strahlkraft. Ihre Bilder veredelten vom 2. Dezember bis zum 19. Januar unsere Flure und Foyers.

#### **Gäste am IPB**

##### **Ministerialrat Thomas Reitmann besichtigt neue Gewächshäuser**

Am 1. Juni besuchte Ministerialrat Thomas Reitmann vom Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt das IPB. Der Vorsitzende unseres Stiftungsrates war besonders an den gerade fertiggestellten vollklimatisierten Gewächshäusern interessiert.

##### **Besuch aus Kanada im November**

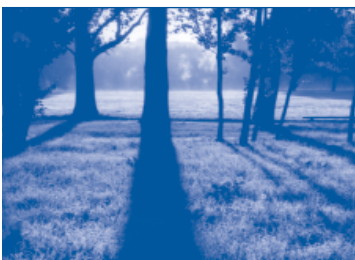
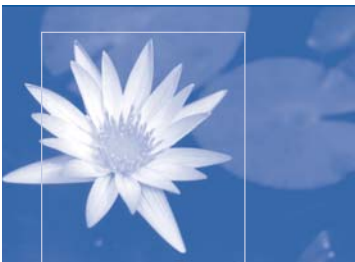
Der Vizepräsident der *Toronto Biotechnology Initiative* und Mitglied der Wirtschaftsförderung von Toronto, Matt Buist, wurde am 30. November am IPB empfangen. Der Besuch fand im Rahmen der jüngst initiierten Kooperationsvereinbarung zwischen der Stadt Halle und Toronto statt. Gemeinsam mit der Projektleiterin der Halleschen Wirtschaftsförderung, Frau Dr. Petra Sachse, besichtigte Herr Buist zunächst das Institut und informierte sich anschließend über unsere Forschungsprojekte und eine bereits bestehende Kooperation zwischen dem IPB und kanadischen Pflanzenzüchtern.

##### **Delegation aus IOWA**

Der amerikanische Bundesstaat Iowa zeichnet sich ähnlich wie Sachsen-Anhalt durch eine starke wissenschaftliche und wirtschaftliche Fokussierung auf die Themen Grüne Biotechnologie und Nachwachsende Rohstoffe aus. Ein Besuch von Vertretern der Wirtschaftsförderungsgesellschaft für Biotechnologie des Staates Iowa und der Iowa State University am 6. Dezember diente deshalb dem Informations- und Erfahrungsaustausch auf diesem Gebiet. Nach einer kurzen Vorstellung unserer Forschungsprojekte kam es zu einer zwanglosen Diskussion über Wissenschaftspolitik und Modalitäten des Patentrechts in Deutschland. Neben unserem Institut besichtigte die Delegation auch andere ähnlich ausgerichtete Forschungseinrichtungen im gesamten Bundesland. Das Treffen wurde von der Biomitteldeutschland GmbH unter von Dr. Jens Katzek organisiert.

##### **Lange Nacht der Wissenschaft im Juli**

Mit wissenschaftlichen Experimenten und Führungen für Laien engagierten sich unsere Arbeitsgruppenleiter erneut für die Lange Nacht der Wissenschaften am 1. Juli. Gemäß unserem



diesjährigen Motto *Chemie im Grünen Bereich* haben besonders unsere Chemiker, z.B. mit ihrer Jod-Stärke-Uhr, sehr zum Gelingen der Veranstaltung beigetragen. Die Vorträge von Dr. Stephan Clemens über Grüne Gentechnik und Dr. Jürgen Schmidt über die Geschichte der Massenspektrometrie zogen auch in diesem Jahr viele Neugierige und Interessenten an. *Grünes Licht für Grüne Gentechnik* gab auch Professor Dierk Scheel im Rahmen der universitären Vortragsreihe *Gentechnik – Fluch oder Segen*. Die Diskussionsrunde war Bestandteil der zentralen Auftaktveranstaltung in den Universitätsgebäuden des Stadtzentrums. Die Lange Nacht der Wissenschaft, die zum vierten Mal in Folge an fast allen universitären und außeruniversitären Forschungsinstituten von Halle stattfand, war für das IPB erneut ein voller Erfolg (Siehe Fotos rechts). Trotz des schlechten Wetters besuchten etwa 390 Gäste das Institut. Diese im Vergleich zum Vorjahr noch einmal gestiegene Besucherzahl bestätigt damit den Trend der letzten Jahre: Das Interesse der Öffentlichkeit an lokalen Forschungsprojekten ist sehr groß und steigt stetig an.



IPB gleich mit zwei Themen präsent. Im Rahmen des Fachkongresses *Wirtschaftskraft Pflanze – Zukunft durch Innovationscluster* stellte Dr. Carsten Milkowski mit einem Poster sein aktuelles Forschungsprojekt zu gentechnisch verändertem Raps vor. Darüberhinaus betreuten Claudia Bobach und Axel Teichert den viel besuchten Stand des IPB in der Messehalle. Die beiden Wissenschaftler der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie informierten über neueste Forschungsprojekte unserer Chemiker zu antibiotischen Substanzen, die aus heimischen Pilzen der Gattung *Hygrophorus* gewonnen wurden. Die BIOTECHNIKA fand vom 18.-20. Oktober in Hannover statt. Das IPB präsentierte sich wie gewohnt in enger Nachbarschaft zu anderen Instituten, Firmen und Forschungseinrichtungen an einem Gemeinschaftsstand des Landes Sachsen-Anhalt.

#### Kontakt zu Schülern und Studenten

Führungen und Vorträge über Chancen und Risiken der Grünen Gentechnik für Schüler, Lehrer und Studenten wurden als fester Bestandteil der Pressearbeit am IPB auch in diesem Jahr wieder durchgeführt. Sehr begehrt bei Studenten waren die auf Anfrage vergebenen mehrmonatigen Praktika in unseren Forschungsgruppen.

#### BIOTECHNIKA im Oktober

Auf der BIOTECHNIKA, Deutschlands größter Messe im Bereich der Biotechnologie, war das





## Artikel und Pressemitteilungen

### 8. Januar

Bank, M. Zusammenarbeit mit Kanada. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 18.

### 26. Januar

PIELOW, S. FOTOAUSSTELLUNG VON RALF KUMMER AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE, **PRESSEMITTEILUNG.**

### 27. Januar

Bank, M. Fotoausstellung am IPB, *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 8.

### 5. Februar

Waldpilze liefern Antibiotika, *Die Naturheilkunde* 2/2005, S. 36.

### 15. März

Aus dem Dschungel in die Apotheke, *Apotheken Umschau*, S. 70-73.

### 17. Mai

ÖFFENTLICHE VORTRÄGE DER DEUTSCHEN AKADEMIE DER NATURFORSCHER LEOPOLDINA ZUM THEMA: ANGEBORENE IMMUNITÄT IN PFLANZEN UND TIEREN. **PRESSEMITTEILUNG DER LEOPOLDINA.**

### 19. Mai

Köhler, M. Auch Pflanzen kommunizieren. *Story Service der Wirtschaftsförderung Halle*, [www.wifoe.halle.de](http://www.wifoe.halle.de).

### 20. Mai

Hoffmann, R. Schlaflos in Halle. *Scienta Hallensis* 5/2005, S. 3.

### 23. Mai

PIELOW, S. NEUES DOMIZIL FÜR TABAK, MOHN UND RAPS. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 25. Mai

Pommert, S. Bestes Klima für Tomaten. *Mitteldeutsche Zeitung*, S.9.

### 10. Juni

Smiljanic, M. Blei fressende Blümchen. *Financial Times Deutschland*, [www.ftd.de](http://www.ftd.de).

### 22. Juni

PIELOW, S. CHEMIE IM GRÜNEN BEREICH. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 1. Juli

Bank, M. Forschung für tausende Besucher. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 15.

### 1. Juli

Wiederhold, B. In der Iod-Stärke-Uhr wird es blau. *Mitteldeutsche Zeitung*, Infotext zur Langen Nacht der Wissenschaft, S. 15.

### 2. Juli

Bank, M. Wie kommt es zum Zelltod? *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 18.

### 6. September

PIELOW, S. EGON STAHL AWARD FÜR PROFESSOR DETLEF GRÖGER. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 13. September

PIELOW, S. NATUR AM BROCKEN AUF CD GEBRANNT. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 13. September

PIELOW, S. VORTRAG ZUR NATUR AM BROCKEN AM IPB. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 14. September

Krause, I. Lern-CD zeigt Natur des Brockens. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 10.

### 7. Oktober

PIELOW, S. HORTUS BOTANICUS - GRÜNE OASE INMITTEN DER STADT. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 12. Oktober

Krause, I. Fotos im Institut. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 8.

### 12. Oktober

Grüne Oase in der Stadt. *Sonstagsnachrichten*.

### 18. Oktober

Krause, I. Vom Hilfsarbeiter zum Wissenschaftler. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 14.

### 19. Oktober

Hortus botanicus. *AmtsBlatt*, S. 1.

### 24. Oktober

Bank, M. Volles Wachstum nicht nur im Gewächshaus. *Story Service der Wirtschaftsförderung Halle*, [www.wifoe.halle.de](http://www.wifoe.halle.de).

### 27. Oktober

Krause, I. Den Brocken auf CD-Rom gebrannt. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 13.

### 15. November

Mäder, A. Analysieren im Akkord. *Berliner Zeitung*, S. 12.

### 29. November

PIELOW, S. NEUER GESCHÄFTSFÜHRENDE DIREKTOR AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

### 29. November

PIELOW, S. PEIBNITZ-1JAHR-1X TÄGLICH. **PRESSEMITTEILUNG.**



**30. November**

Neuer Direktor: *Wochenspiegel*

**30. November**

Neuer Direktor am IPB. *Mitteldeutsche Zeitung*.

**30. November**

PIELOW, S. BESUCH AUS KANADA AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

**1. Dezember**

Wilhelm, K. Strippenzieher der Unterwelt. *Bild der Wissenschaft* 12/2005, S. 28-33.

**1. Dezember**

Ausstellung am IPB. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 12.

**1. Dezember**

Bank, M. Kanadier zu Besuch. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 12.

**7. Dezember**

Pieplow, S. Samen ohne Bitterstoffe aus transgenem Raps. *EAST Magazin* 1/12/2005, S. 10-11.

**7. Dezember**

Wingert, N. Pilze gegen Killer-Bakterien. *EAST Magazin* 1/12/2005, S. 6-8.

**28. Dezember**

Höhn, T. D. Leibniz-Professor bricht eine Lanze für Gentechnik. *Deutsche Presse-Agentur GmbH Halle*.

Die Pressemitteilungen wurden abhängig vom Thema auch auf verschiedenen Internetplattformen veröffentlicht.

Hier ist ein Auszug der wichtigsten Seiten:

- [www.allpr.de](http://www.allpr.de)
- [www.biomitteldeutschland.de](http://www.biomitteldeutschland.de)
- [www.bista.de](http://www.bista.de) (Forum für Bildung, Studium und Ausbildung)
- [www.chemlin.de](http://www.chemlin.de)
- [www.halle.de](http://www.halle.de)
- [www.innovations-report.de](http://www.innovations-report.de)
- [www.interconnections.de](http://www.interconnections.de)
- [www.lehrer-online.de](http://www.lehrer-online.de)
- [www.mdr.de](http://www.mdr.de)
- [www.mz-web.de](http://www.mz-web.de)
- [www.planeterde.de](http://www.planeterde.de)
- [www.pressrelations.de](http://www.pressrelations.de)
- [www.uni-protokolle.de](http://www.uni-protokolle.de)
- [www.sachsen-anhalt.de](http://www.sachsen-anhalt.de)
- [www.studieren-im-netz.de](http://www.studieren-im-netz.de)

**Radiobeitrag**

**30. November**

Kersten, C. Raps und Rost als Giftkiller-neue Techniken der Altlastensanierung. *Bayerischer Rundfunk, IQ - Wissenschaft und Forschung*.

**Fernsehbeiträge**

**28. Januar**

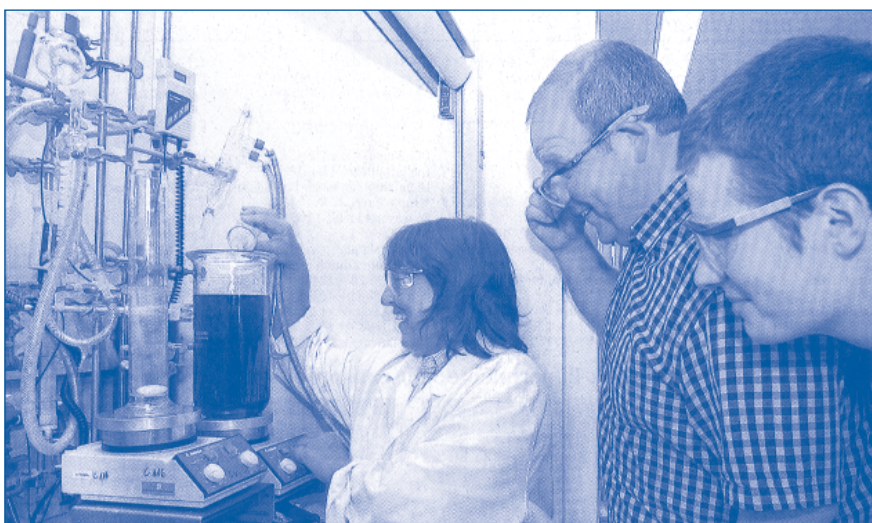
Simon, S. Gesundheitsmacher wieder entdeckt: Kohl, Rüben, Wirsing & Co. *mdr Fernsehen*, Hauptsache Gesund.

**31. August**

Neue Exzellenzforschung in Sachsen Anhalt. *mdr Fernsehen*, Nachrichten in Hier ab vier.

**15. Dezember**

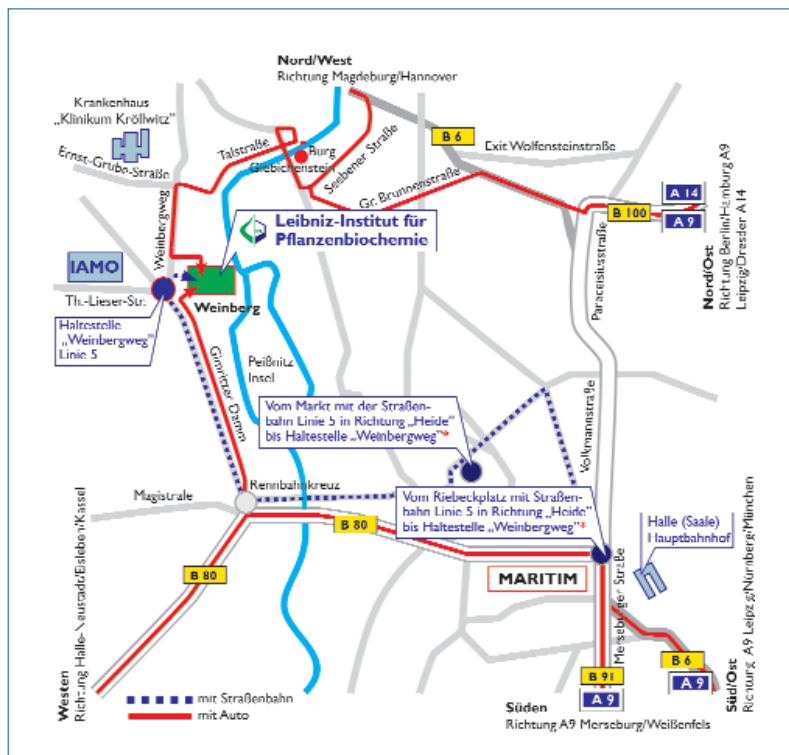
Struff, K., Antibiotische Wirkstoffe aus heimischen Pilzen. *mdr Fernsehen*, Hier ab vier.



In der Jod-Stärke-Uhr wird es blau: Diese und andere oszillierenden Reaktionen mit intensiven Farbwechseln zeigen Angela Schaks, Prof. Bernhard Westermann und Armin Göllner (v.l.) in der Wissenschaftsnacht ab 19 Uhr im Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Weinberg 3. MFoto: B. Wiederhold



## Anfahrt und Impressum



### Herausgeber:

Leibniz-Institut für  
Pflanzenbiochemie  
Weinberg 3  
06120 Halle (Saale)  
www.ipb-halle.de

### Redaktion & Layout:

Sylvia Pieplow  
Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Tel.: (03 45) 55 82 11 10  
Fax: (03 45) 55 82 11 09  
E-Mail: [spieplow@ipb-halle.de](mailto:spieplow@ipb-halle.de)

### Graphiken & Fotos:

Annett Kohlberg &  
Christine Kaufmann

Copyright © 2006 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 2005.