

# JAHRESBERICHT 2006

---

## LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE



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)

Vorstellung und Entwicklung des Institutes	4
Wissenschaft im Berichtsjahr	6
Organe des Institutes	8
Mitarbeiter in speziellen Funktionen & Organigramm	10
<b>ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE</b>	<b>12</b>
<i>Kommissarischer Leiter: Professor Claus Wasternack</i>	
AG Alkaloidbiosynthese Leiterin: Toni M. Kutchan (bis März 2006)	13
AG Schlafmohn-Biotechnologie Leiterin: Susanne Frick (bis März 2006)	14
AG Jasmonat-Wirkungsweise Leiter: Claus Wasternack & Otto Miersch	15
AG Papaver-Genexpressionsanalyse Leiter: Jörg Ziegler	16
Publikationen der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie	17
<b>ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE</b>	<b>18</b>
<i>Leiter: Professor Ludger Wessjohann</i>	
AG Naturstoffe Leiter: Norbert Arnold & Jürgen Schmidt	19
AG Chemoenzymatik Leiter: Ludger Wessjohann & Wolfgang Brandt	20
AG Synthese Leiter: Ludger Wessjohann & Bernhard Westermann	21
AG Spektroskopie Leiter: Andrea Porzel & Jürgen Schmidt	22
AG Screening Leiter: Norbert Arnold & Bernhard Westermann	23
AG Computerchemie Leiter: Wolfgang Brandt & Andrea Porzel	24
Publikationen der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie	25
<b>ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE</b>	<b>27</b>
<i>Leiter: Professor Dierk Scheel</i>	
AG Molekulare Kommunikation in Pflanze-Pathogen-Interaktionen Leiter: Wolfgang Knogge	28
AG Zelluläre Signaltransduktion Leiter: Dierk Scheel & Justin Lee	29
AG Induzierte Pathogenabwehr Leiter: Dierk Scheel & Sabine Rosahl	30
AG Metallhomöostase Leiter: Stephan Clemens	31
AG Bioinformatik und Massenspektrometrie Leiter: Steffen Neumann	32

AG Metabolite Profiling in Arabidopsis und Nutzpflanzen Leiter: Stephan Clemens & Dierk Scheel in Kooperation mit Jürgen Schmidt & Ludger Wessjohann	33
Publikationen der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie	34
<b>ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL</b> <i>Leiter: Professor Dieter Strack</i>	<b>35</b>
AG Phenylpropanstoffwechsel Leiter: Dieter Strack & Carsten Milkowski	36
AG Molekulare Physiologie der Mykorrhiza Leiter: Michael H. Walter	37
AG Zellbiologie der Mykorrhiza Leiterin: Bettina Hause	38
AG Metabolite Profiling & Proteinbiochemie Leiter: Willibald Schliemann & Thomas Vogt	39
Publikationen der Abteilung Sekundärstoffwechsel	40
<b>ABTEILUNG ADMINISTRATION, ZENTRALE DIENSTE UND TECHNIK</b> <i>Leiter: Lothar Franzen</i>	<b>41</b>
Mitarbeiter der Abteilung Administration	42
Stellenplan des Institutes im Jahre 2006	43
Haushalts- und Drittmittel	44
Drittmiteleinsatz	45
Finanzierungsübersicht	48
Mitwirkung des IPB an nationalen und internationalen Forschungsnetzwerken	49
Seminare und Kolloquien 2006	50
Gastwissenschaftler & Stipendiaten	52
<b>PRESSE- UND ÖFFENTLICHKEITSARBEIT</b> <i>Leiterin: Sylvia Pieplow</i>	<b>53</b>
Projekte der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit	54
Medienpräsenz des IPB	56
Anfahrt und Impressum	57

### VORSTELLUNG DES INSTITUTS

Das Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie in Halle (Saale) wurde am 01.01.1992 als außer-universitäres Forschungsinstitut der sogenannten Blauen Liste gegründet. Aus dem Zusammenschluss der Blauen-Liste-Institute entstand 1995 die Wissenschaftsgemeinschaft Blaue Liste, die sich im Oktober 1997 in Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz umbenannt und umorganisiert hat und sich inzwischen Leibniz-Gemeinschaft nennt. Das IPB gehört zur Sektion Lebenswissenschaften der Leibniz-Gemeinschaft. 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 112 Mitarbeiter aus Haushaltsmitteln und weitere 36 über Drittmittelfinanzierung im Jahre 2006 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 Wechselwirkungen von Pflanzen mit Pathogenen, Symbionten und abiotischen Stressoren und das Studium molekularer Interaktionen als Teil komplexer biologischer Prozesse.

### FORSCHUNGSPROFIL DES IPB

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 dem fortschreitenden Erkenntnisgewinn aus der pflanzlichen Genomforschung erhalten diese Erkenntnisse eine fundamentale Bedeutung bei der funktionalen Genomanalyse.

Die umfassende Analyse **pflanzlicher und pilzlicher Naturstoffe** ist deshalb der zentrale Schwerpunkt im Forschungskonzept des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie, an den sich weitere Forschungsschwerpunkte angliedern. Zur umfassenden qualitativen und quantitativen Erfassung von Naturstoffen in biologischem Material und zur Aufklärung ihrer Struktur werden in einem abteilungsübergreifenden Kompetenzbereich modernste analytische Verfahren eingesetzt und neu entwickelt. Dies bildet die Grundlage zur Untersuchung der biologischen Funktion von Naturstoffen, ihrer Biosynthese und der Entdeckung neuer Wirkstoffe. Die Strukturaufklärung, Synthese und Derivatisierung der Naturstoffe liefert einen wichtigen Beitrag zur Aufklärung ihrer biologischen Aktivität und zur Erhöhung ihrer Diversität. Die Identifizierung und Isolierung von Biosyntheseenzymen erlaubt den Zugang zu den entsprechenden Genen und damit zum Studium der Regulation der Biosynthesewege und der zellulären und organismischen Organisation ihrer Komponenten.

Die genetisch determinierte pflanzliche Entwicklung und ihre Modulation im Rahmen einer optimalen Adaptation an die jeweiligen Umwelt- und Standortbedingungen beruhen auf rezeptorvermittelter Perception endogener Signalstoffe beziehungsweise biotischer und abiotischer Umweltparameter. Über zelluläre und systemische Signaltransduktions-Netzwerke

werden die Eingangssignale evaluiert, abgeglichen und mittels veränderter Genexpressionsmuster in entsprechende physiologische Reaktionen umgewandelt, die in der Regel auf transient und lokal veränderten Naturstoffprofilen beruhen. Molekulare Interaktionen bilden die Grundlage der dabei ablaufenden zellulären Funktionen. Ihre interdisziplinäre Analyse ist deshalb von zentraler Bedeutung im Forschungskonzept des Instituts. Rezeptor/Ligand-, Enzym/Ligand- und Protein/Protein-Interaktionen bilden die molekulare Grundlage für diese Prozesse und deren Anwendung in der Wirkstoffforschung. Unter diesem Aspekt werden die Mechanismen interorganismischer Kommunikation zwischen Pflanzen und Symbionten sowie Pathogenen untersucht und die Organisation von Biosynthesewegen und Signaltransduktionsketten analysiert. Dabei kommen unter anderem Transkriptom- und Proteomanalysen zum Einsatz. Darüber hinaus erlaubt die Anwendung und Entwicklung modernster zellbiologischer Methoden im Rahmen abteilungsübergreifender Kooperationen die Analyse der Dynamik molekularer Interaktionen im lebenden Organismus. Die chemische Struktur miteinander in Wechselwirkung tretender Moleküle wird durch gentechnische Verfahren, gerichtete Evolution und chemische Derivatisierung modifiziert, sodass 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 Modeling.

Diese enge Kombination naturstoffchemischer, biochemischer, molekularbiologischer und zellbiologischer Forschungsansätze ermöglicht neue Zugänge zur Genfunktionsanalyse, die den dritten Forschungsschwerpunkt des Instituts bildet. Im Gesamtkonzept einer auf Transkriptom-, Proteom- und Metabolomdaten basierenden funktionalen Genomanalyse werden Gene identifiziert und charakterisiert, die im Rahmen der Biosynthese und des Metabolismus von Naturstoffen von entscheidender Bedeutung für die pflanzliche Entwicklung und die Anpassung an verschiedene Umweltbedingungen sind. Dabei ermöglicht der Einsatz von Mutanten und transgenen Pflanzen nicht nur die direkte Analyse der Genfunktion, sondern auch die Erzeugung von Modellpflanzen mit verändertem Naturstoffprofil, neuen gesundheitsrelevanten Inhaltsstoffen oder verbesserter Anpassung an bestimmte Standorte und Umweltsituationen. Solche Pflanzen dürften für die nachhaltige Produktion wertvoller Substanzen und Biokatalysatoren als biologische Testsysteme und für die Züchtung von Bedeutung sein.

Die Speicherung, Auswertung und Verknüpfung der in den Schwerpunkten Naturstoffe, molekulare Interaktionen und Genfunktionsanalyse generierten Daten ist nur mittels Bio- und Chemoinformatik möglich. Insbesondere die Metabolom- und Proteomanalysen und die kombinatorischen Bibliotheken erfordern die Entwicklung neuer Methoden der Datenauswertung, -verarbeitung und -verknüpfung. Am Institut wurde deshalb eine Nachwuchsgruppe Bioinformatik etabliert, die sich im Wesentlichen dieser Problematik widmet. Zusammen mit der Arbeitsgruppe Computerchemie ist damit ein neuer Forschungsschwerpunkt zur Informatik entstanden, der zu einem abteilungsübergreifenden Kompetenzbereich ausgebaut wird. Das Ziel dieses Schwerpunkts ist die integrale Verknüpfung und Bearbeitung der in ihrer Struktur zum Teil völlig unterschiedlichen Datensätze der anderen Forschungsschwerpunkte im Sinne eines besseren Verständnisses des biologischen Systems Pflanze.

**D**as IPB hat im Berichtsjahr seine wissenschaftliche Arbeit erfolgreich fortgesetzt. Beispielhaft seien aus den vier wissenschaftlichen Abteilungen einige herausragende Ergebnisse aufgeführt. In der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie wurde eine alkaloidspezifische cDNA isoliert, die für die Salutaridinreduktase kodiert. Mittels Homologie-Modeling und ortsgerichteter Mutagenese konnte die Substratbindungstasche dieses Enzyms eingehend charakterisiert werden. In der gleichen Abteilung gelang der Nachweis, dass die maternale Kontrolle der Embryoentwicklung in Tomate durch Oxylipine erfolgt.

Der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie gelang es, durch ein neues Synthesekonzept außerordentlich komplexe Makrozyklen und Käfige aufzubauen, in dem sich zwölf Komponenten mit bis zu sechzehn neuen Bindungen im Eintopfverfahren zu definierten Verbindungen finden. Dies ermöglicht es, künftig Moleküle mit komplexen Eigenschaften, wie hochspezifische Erkennungs-, Trennungs- oder Katalyseeigenschaften schnell und evolutiv adaptiert zu erzeugen. Darüber hinaus gelang in dieser Abteilung die erste Totalsynthese eines Tubulysins, einer hochaktiven Verbindung, die Mikrotubuli auflöst und den Zellzyklus beeinflusst.

In der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie wurden mehrere neue Arabidopsismutanten mit einer veränderten Nichtwirtsresistenz gegen das wichtigste Kartoffelpathogen *Phytophthora infestans* isoliert und charakterisiert. Die Nichtwirtsresistenz ist eine stabile Form der natürlichen Pathogenresistenz in Pflanzen, die bislang kaum untersucht wurde. Diese neuen Ergebnisse könnten dazu beitragen, neue Strategien für den Schutz von Kartoffeln gegen die Kraut- und Knollenfäule zu entwickeln.

In der Abteilung Sekundärstoffwechsel gelang die Aufklärung der Funktion von Apocarotinoiden in der arbuskulären Mykorrhiza. Diese sekundären Inhaltsstoffe sind offensichtlich wichtig für die Funktionalität von Arbuskeln in späten Stadien der Symbiose. Außerdem konnte gezeigt werden, dass während der Mykorrhizierung von Tomatenwurzeln die Expression einer apoplastischen Invertase zellspezifisch induziert wird.

Wissenschaftler des IPB haben in einer Vielzahl von nationalen und internationalen Forschungsverbänden mitgewirkt und sind in Kooperation mit der Martin-Luther-Universität am SFB 648 *Molekulare Mechanismen der Informationsverarbeitung in Pflanzen*, am Landesexzellenznetzwerk *Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung* und an mehreren Graduiertenprogrammen beteiligt. Insgesamt standen im Jahr 2006 1.507.427 Euro Drittmittel für 46 Projekte zur Verfügung, wobei die über Graduiertenprogramme eingeworbenen Mittel darin nicht enthalten sind, da diese über die Universität verwaltet werden. Die Mittel für die Beteiligung an einem Projekt im Rahmen des Paktverfahrens werden als Haushaltsmittel verbucht und erscheinen ebenfalls nicht als Drittmittel.

Im Jahr 2006 erschienen 63 Publikationen von Wissenschaftlern des IPB in guten bis sehr guten Zeitschriften. Neun dieser Veröffentlichungen gehen auf abteilungsübergreifende Kooperationen zurück. Damit blieb die Anzahl der Publikationen auf dem bisherigen Niveau.

Im Jahr 2006 führte das IPB ein strukturiertes Doktorandenprogramm ein, das als wesentliche Punkte die Einführung eines Mentorenprogramms, mehrstufige Berichte, die Anforderung mindestens einer Erstautorenpublikation und eine möglichst auf drei Jahre begrenzte Dauer vorsieht. Parallel dazu haben die Doktoranden des IPB einen organisatorischen Zusammenschluss gebildet, der jährlich eine Doktorandentagung und unregelmäßige Seminare mit Unterstützung des IPB veranstaltet.

Sehr bewährt hat sich die Umstrukturierung des Wissenschaftlichen Institutsrats (WIR) und seine Einbindung in Beratungen und Entscheidungen zu wissenschaftlichen Belangen.

Die seit einigen Jahren erfolgreich veranstalteten Seminarreihen wurden ebenso wie die jährliche Institutstagung im bewährten Stil weiter geführt. Im Rahmen des seit mehreren Jahren bestehenden PlantMetaNet veranstaltete das IPB gemeinsam mit den anderen Partnern eine internationale Sommerakademie zum Thema Metabolomics am Max-Planck-Institut für molekulare Züchtungsforschung.

Ende März 2006 verließ die Leiterin der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie, Frau Professor Toni Kutchan, das IPB um eine attraktive Tätigkeit am Donald Danforth Plant Science Center in St. Louis, Missouri, USA aufzunehmen. Die Wiederbesetzung dieser Abteilungsleiterstelle wird voraussichtlich im Jahre 2007 erfolgen.

Im Herbst des Jahres nahm Dr. Stephan Clemens, Leiter der Arbeitsgruppe Metallhomöostase der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie, den Ruf auf eine W3-Professur für Pflanzenphysiologie der Universität Bayreuth an.

Am 16. und 17. Mai 2006 traf sich der Wissenschaftliche Beirat des IPB zur Vorbereitung der in siebenjährigem Abstand stattfindenden externen Evaluierung. Unter Vorsitz von Professor Sahm fand diese Evaluierung am 19. und 20. September 2006 statt. Mit dem voraussichtlich positiven Bericht, der von entscheidender Bedeutung für die Zukunft des IPB ist, wird Mitte 2007 gerechnet. Am 25. und 26. September 2006 fand die reguläre 16. Beiratssitzung des Wissenschaftlichen Beirats und am 27. Oktober 2006 die 15. Sitzung des Stiftungsrats statt.

Im Dezember 2006 wurden die Neubauten eines Werkstatt- und Garagenkomplexes und eines Laborgebäudes fertiggestellt. Dadurch konnten endlich die bis dahin nicht akzeptablen Arbeitsbedingungen für die Handwerker und Gärtner des IPB verbessert werden. Im neuen Laborgebäude fand die bis dahin in angemieteten Räumen außerhalb des Institutsgeländes untergebrachte Arbeitsgruppe *Bioinformatik und Massenspektrometrie* angemessene Unterkunft in räumlicher Nähe zu den analytischen Laboren, in denen die bearbeiteten Daten generiert werden. Zudem werden in diesem Gebäude extern finanzierten Nachwuchsgruppen modernst eingerichtete Laboratorien zur Verfügung stehen. Außerdem konnten die Grafikerin und die Fotografin des IPB hier ideale Räumlichkeiten in Betrieb nehmen.

Damit blickt das IPB auf ein erfolgreiches wissenschaftlich produktives Jahr zurück, in dem die Forschungs- und Arbeitsmöglichkeiten weiter verbessert werden konnten.

### DIREKTORIUM

**Professor Dierk Scheel**

Geschäftsführender Direktor  
Leiter der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie

**Lothar Franzen**

Leiter der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik

**Professor Toni M. Kutchan**

Leiterin der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie bis März 2006

**Professor Dieter Strack**

Leiter der Abteilung Sekundärstoffwechsel

**Professor Claus Wasternack**

Kommissarischer Leiter der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie ab April 2006

**Professor Ludger Wessjohann**

Leiter der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie

### STIFTUNGSRAT

**Ministerialrat Thomas Reitmann**

*Vorsitzender des Stiftungsrates*  
Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt

**Ministerialrat Dr. Jürgen Roemer-Mähler**

*Stellvertretender Vorsitzender des Stiftungsrates*  
Bundesministerium für Bildung und Forschung

**Professor Wulf Diepenbrock** ab Oktober 2006

Rektor der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

**Professor Alfons Gierl**

*Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirates*  
Technische Universität München

**Professor Sabine Flitsch**

*Stellvertretende Vorsitzende des Wissenschaftlichen Beirates*  
Manchester Interdisciplinary Biocentre (MIB)

**Professor Reinhard Neubert** bis September 2006

Prorektor für Forschung und Wissenschaftlichen Nachwuchs der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

**Professor Jörg Stetter**

Generalsekretär der Gesellschaft Deutscher Naturforscher und Ärzte e.V.



## WISSENSCHAFTLICHER BEIRAT

### **Professor Alfons Gierl**

*Vorsitzender des Wissenschaftlichen Beirates*

Technische Universität München, Lehrstuhl für Genetik

### **Professor Sabine Flitsch**

*Stellvertretende Vorsitzende des Wissenschaftlichen Beirates*

Manchester Interdisciplinary Biocentre

### **Professor Christoph Benning**

Michigan State University, Department of Biochemistry and Molecular Biology

### **Professor Raoul J. Bino**

Universität Wageningen, Leiter der Plant Science Group

### **Professor Thomas Boller**

Universität Basel, Botanisches Institut

### **Professor Jonathan Gershenzon**

Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie, Jena

### **Professor Horst Kunz**

Johannes-Gutenberg-Universität Mainz, Institut für Organische Chemie

### **Professor Rainer Metternich**

Schering AG, Berlin

### **Professor Birger Lindberg Møller**

Universität Kopenhagen, Lehrstuhl für Pflanzenbiologie

### **Professor Andreas Schaller**

Universität Hohenheim, Institut für Physiologie und Biotechnologie der Pflanzen

### **Professor Lutz F. Tietze**

Universität Göttingen, Institut für Organische Chemie

### **Professor Lothar Willmitzer**

Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm

## MITARBEITER IN SPEZIELLEN FUNKTIONEN & ORGANIGRAMM

### WISSENSCHAFTLICHER INSTITUTSRAT

Der Wissenschaftliche Institutsrat setzt sich aus allen Arbeitsgruppenleitern des Institutes zusammen. PD Dr. Stephan Clemens war bis August 2006 Sprecher des Wissenschaftlichen Institutsrats. Ab September 2006 übernahm Frau Dr. Andrea Porzel kommissarisch diese Aufgabe.

### MITARBEITER IN SPEZIELLEN FUNKTIONEN

Dr. Bettina Hause	Ombudsperson zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis
Gudrun Schildberg	Schwerbehindertenbeauftragte
Hans-Günter König	Energie
Dr. Robert Kramell Dr. Thomas Vogt	Strahlenschutzbeauftragte
Kerstin Manke	Gleichstellungsbeauftragte
Sylvia Pieplow	Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
Dr. Sabine Rosahl	Biologische Sicherheit
Dr. Michael H. Walter 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



Pflanzen besitzen - neben Primärstoffwechselleistungen im Zusammenhang mit ihrem Wachstum und ihrer Entwicklung - die Fähigkeit zur Bildung und Akkumulation von unglaublich vielen sekundären Naturstoffen. Unter ihnen nimmt die Gruppe der Benzylisochinolinalkaloide einen besonderen Platz ein, da viele Vertreter medizinisch genutzt werden. Dies gilt insbesondere für alle Morphinanverbindungen, wie das Hustenmittel Kodein oder das schmerzlindernde Morphin. Drei Arbeitsgruppen der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie beschäftigten sich 2006 mit der molekulargenetischen Analyse der Morphinbiosynthese. Ziel ist es, molekulare Werkzeuge aus den verzweigten Biosynthesewegen der Benzylisochinoline zu erhalten, sodass mittels Überexpression und Suppression von Genen, die für Biosyntheseenzyme kodieren, ein verändertes Metabolitenprofil von Intermediaten und Produkten, ein Metabolic Engineering, erreicht wird (AG Alkaloidbiosynthese, T. M. Kutchan und AG Schlafmohn-Biotechnologie, S. Frick). Dies wurde nach Etablieren geeigneter Transformationsprotokolle für *Papaver somniferum* unter Verwendung von cDNAs des Berberinbrückenzyms, der (S)-N-Methylcoclaurin-3'-Hydroxylase, der (R,S)-Retikulin-7-O-Methyltransferase, der Salutaridinol-7-O-Azetyltransferase und der Kodeinonreduktase erreicht. Ein weiteres Forschungsinteresse der AG Alkaloidbiosynthese galt der Biosynthese von Isochinolinterpenoid-Alkaloiden und Naphthochinonen. Die Ipecac-Alkaloidbiosynthese von *Psychotria ipecacuanha* wurde durch Klonierung beteiligter Enzyme analysiert. Ebenso wurde die Biosynthese des Naphthochinons Plumbagin durch Klonierung und Charakterisierung einer Typ III-Polyketidsynthase aus *Plumbago indica* L. studiert.

Im Falle der Morphinbiosynthese erbrachte die Identifizierung von ESTs neue Erkenntnisse (AG Papaver-Genexpressionsanalyse, J. Ziegler). Die vergleichende Analyse der Genexpressions- und Alkaloidprofile zwischen zahlreichen Schlafmohnvarietäten und Mohnarten führte zur Identifizierung neuer Gene, die für die Biosynthese und Regulation der Morphinbiosynthese relevant sind. Dazu gehörten die Salutaridin-Reduktase, eine O'-Methyltransferase und ein ABC-Transporter. Nach Homologie-Modelling wurde die Substratbindungstasche der Salutaridin-Reduktase charakterisiert.

Mit dem Wechsel von Toni M. Kutchan und Susanne Frick an das Donald Danforth Plant Science Center in St. Louis (USA) im April 2006 sowie Jörg Ziegler an die Universität in Calgary (Kanada) im Oktober 2006 sind diese Arbeiten in der Abteilung eingestellt worden.

Eine vierte AG (Jasmonatwirkungsweise, C. Wasternack & O. Miersch) der Abteilung beschäftigt sich seit Jahren mit der Funktionsanalyse des Stress- und Entwicklungssignals Jasmonsäure (JA) und seiner Metabolite. Durch reverse Genetik, zellbiologische Analysen und chemische Analytik wurde nach der Rolle der JA-Biosynthese und ihrer Funktion in Stressabwehr und Blütenentwicklung in *Arabidopsis thaliana* und Tomate gefragt. Neue Aspekte der Regulation wurden durch transgene Ansätze und Analyse von Knockout-Mutanten des JA-Biosynthese-Enzyms Allenoxydyclase (AOC) in *Arabidopsis* sowie seinem zelltyp- und organspezifischen Vorkommen in Tomate erkannt. Unter den Metaboliten von JA gewinnt das 12-Hydroxyjasmonat vermehrt an Aufmerksamkeit, wegen seiner JA-unabhängigen Eigenschaften und seiner spezifischen Akkumulation in Entwicklungsprozessen. Zahlreiche Kooperationen auf dem Gebiet der Jasmonate wurden auch 2006 fortgesetzt.



## AG ALKALOIDBIOSYNTHESE

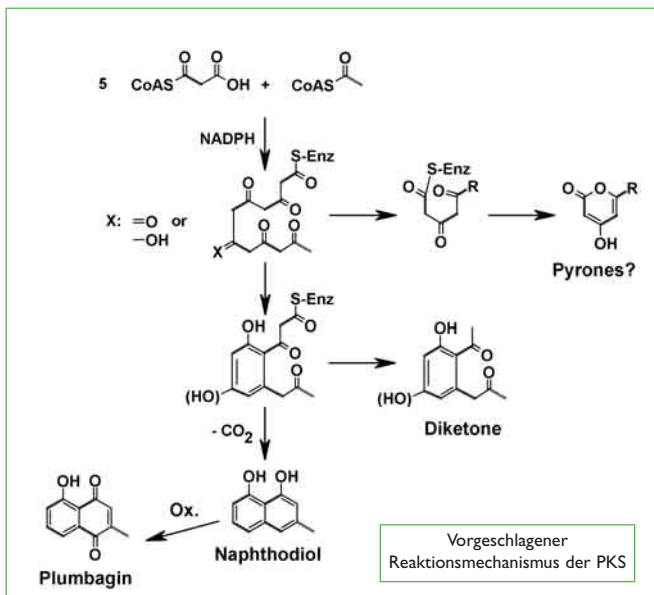
Leiterin: Toni M. Kutchan (bis März 2006)

*Plumbago indica* L. ist eine traditionelle Heilpflanze aus Südostasien. Ihre Wurzeln akkumulieren das Naphthochinonderivat Plumbagin, das antimikrobielle, insektizide, Antitumor- und Antifertilitätseigenschaften aufweist. Plumbagin entsteht aus sechs Azetateinheiten. Dies wurde erstmals mittels Tracerexperimenten mit Zellsuspensionskulturen von *Drosophyllum lusitanicum* und Pflanzen von *Plumbago europaea* gezeigt. In Pflanzen werden Polyketide durch die Typ III-Polyketidsynthasen (PKS) gebildet. Typ III-PKS' sind homodimere Proteine mit zwei funktionell unabhängigen aktiven Zentren. Sie benutzen Thioester des Coenzym A als Substrat und katalysieren bis zu sieben decarboxylierende Kondensationsreaktionen, gefolgt von einer Zyklisierung des intermediären Polyketids. Der Prototyp der Typ III-PKS ist die Chalkonsynthase (CHS), die Naringenchalkon - dem Präkursor der Flavonoide - durch Kondensation von drei Azetateinheiten, aus Malonyl-CoA stammend, mit der Starteinheit p-Coumaroyl-CoA verbindet. Es wird angenommen, dass das erste Enzym der Naphthochinonbiosynthese ebenfalls eine Typ III-PKS ist.

Die meisten Typ III-PKS' katalysieren eine, zwei oder drei Verlängerungen des Startermoleküls mit Malonyl-CoA, sodass nur ein sechsgliedriger Ring entsteht. Das Enzym, das die Naphthochinonbiosynthese einleitet, katalysiert jedoch wahrscheinlich fünf Verlängerungen des Acetyl-CoA-Startmoleküls mit Malonyl-CoA. Mechanistisch ähnliche Reaktionen werden durch eine kleine Anzahl von Typ III-PKS' katalysiert: Aloesonsynthase (ALS) aus *Rheum palmatum*, 1,3,6,8-Tetrahydroxynaphthalensynthase (THNS) aus *Streptomyces griseus* und *S. coelicolor*, Pentaketidchromonsynthase (PCS) und Oktaketidsynthase (OKS) aus *Aloe arborescens*. Alle vier Enzyme katalysieren mehr als drei Kondensationen und zwei bis drei Zyklisierungen. Es ist sehr wahrscheinlich, dass die Polyketid-

synthase der Naphthochinonbiosynthese in *P. indica* ähnliche Eigenschaften hat wie die ALS und THNS.

Zur Charakterisierung des Enzyms, das den ersten Schritt der Biosynthese des Naphthochinons Plumbagin katalysiert, wurde eine cDNA aus Wurzeln von *P. indica* isoliert, die für eine Typ III-PKS kodiert. Das translatierte Polypeptid zeigt 47 % bis 60 % Identität mit PKS' von anderen Pflanzenarten. Rekombinante *P. indica*-PKS, in *E. coli* expremiert, akzeptierte Acetyl-CoA als Startmolekül und katalysierte fünf decarboxylierende Kondensationen mit Malonyl-CoA. Das entstandene Hexaketid faltete nicht in ein Naphthalenderivat. Stattdessen wurde ein  $\alpha$ -Pyron, 6-(2',4'-dihydroxy-6'-methylphenyl)-4-hydroxy-2-pyron gebildet. Darüber hinaus wurde die Bildung von  $\alpha$ -Pyron mit linearer Keto-Seitenkette - entstanden aus drei bis sechs Azetatresten - beobachtet.



### MITARBEITER

**Domenika Arndt**  
 Technische Assistentin bis März 2006

**Maria Luisa Diaz Chavez**  
 Doktorandin bis Dezember 2006

**Verona Dietl**  
 Technische Assistentin bis März 2006

**Nadja Grobe**  
 Doktorandin bis März 2006

**Nils Günnewich**  
 Doktorand bis März 2006

**Gabriele Herrmann**  
 Wissenschaftliche Mitarbeiterin  
 bis März 2006

**Aphacha Jindaprasert**  
 Doktorandin bis Januar 2006

**Robert Kramell**  
 Wissenschaftlicher Mitarbeiter  
 bis Dezember 2006

**Tobias Kurz**  
 Doktorand bis Dezember 2006

**Alfonso Lara**  
 Doktorand bis Dezember 2006

**Khaled Sabarna**  
 Doktorand bis November 2006

**Karin Springob**  
 Postdoktorandin bis März 2006

**Marco Steen**  
 Technischer Assistent bis März 2006

### MITARBEITER

**Kathleen Bräuer**

Technische Assistentin bis Februar 2006

**Stefanie Haase**

Doktorandin bis Dezember 2006

**Elke Hillert**

Technische Assistentin bis März 2006

**Katja Kempe**

Doktorandin bis Dezember 2006

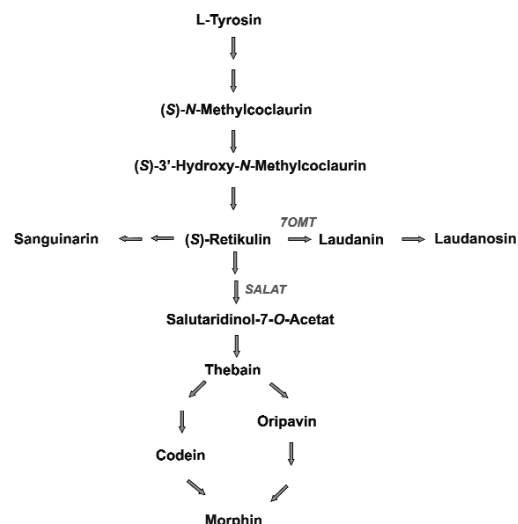
Der Schlafmohn (*Papaver somniferum* L.) ist eine der ältesten kultivierten Arzneipflanzen und enthält mehr als 80 verschiedene Tetrahydrobenzylisochinolin-Alkaloide. Viele Schlafmohn-Alkaloide sind von medizinischer Bedeutung. Zu diesen zählen das analgetisch und narkotisch wirksame Morphin, das Antitussivum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

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 wurden die Alkaloide im Milchsaft, in Blättern und in Wurzeln mittels HPLC und LC-MS qualitativ und quantitativ bestimmt. Anschließend überprüften wir die Vererbbarkeit des ermittelten Alkaloidprofils.

Die Überexpression des Gens, das für die (R,S)-Retikulin-7-O-Methyltransferase (7-OMT) kodiert, wurde in Northern-Blot-Analysen für die T<sub>0</sub>-, T<sub>1</sub>- und T<sub>2</sub>-Generation nachgewiesen. Sou-

thern-Blot-Analysen belegten die Integration von einer bis fünf Kopien ins Genom der Pflanzen. In der T<sub>1</sub>-Generation waren die Alkaloide Retikulin, Laudanin und Laudanosin in 40 % der transgenen Pflanzen, in der T<sub>2</sub>-Generation in 75 % der transgenen Pflanzen verändert. In einigen Pflanzen der T<sub>1</sub>- und in vielen Pflanzen der T<sub>2</sub>-Generation war außerdem die Menge der Endmetabolite des Morphinanweges beeinflusst.

Die Suppression des Gens, das für die Salutaridinol-7-O-Acetyltransferase (SALAT) kodiert, wurde mittels RNAi erreicht. Die erzeugten transgenen Pflanzen akkumulierten Stoffwechselformen des Morphinanweges. Das Alkaloidmuster war in der T<sub>0</sub>- und T<sub>1</sub>-Generation nachweisbar. Die Suppression der SALAT-Expression wurde durch Northern-Blot-Analysen und durch Real-Time-PCR nachgewiesen. Southern-Blot-Analysen belegten die Integration von zwei bis vier Kopien ins Genom der Pflanzen.



Biosynthese von Sanguinarin, Laudanosin und Morphin in *P. somniferum*.



## AG JASMONAT-WIRKUNGSWEISE

Leiter: Claus Wasternack & Otto Miersch

Jasmonate sind Phytohormone, die für viele Pflanzen als Signal der Abwehr von biotischem und abiotischem Stress dienen. Die Analyse der Jasmonatwirkungsweise konzentriert sich mittels transgener Ansätze auf die Ausschaltung und Anschaltung der Jasmonatbiosynthese (Abbildung). Objekte sind Tomate und Arabidopsis. Es wird eine mechanistische Analyse der Wirkungsweise von Jasmonat als Signal in pflanzlichen Abwehrreaktionen und Entwicklungsprozessen angestrebt. Jüngere Untersuchungen konzentrieren sich auf die Identifizierung und Funktion von Jasmonsäuremetaboliten, insbesondere 12-Hydroxyjasmonat, einschließlich ihrer potentiellen Nutzung (Siehe Abbildung).

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. 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. Darüber hinaus wurden Hydroxylierungs-, Sulfatierungs- und Glucosylierungsprodukte als Metabolite von JA identifiziert und ihre JA-abhängige Bildung belegt. Ihre wundinduzierbare Bildung und ihr organspezifisches abundantes Vorkommen stellt die Frage nach der Funktion. Zumindest für einen Teil der JA-induzierbaren Gene stellt die Hydroxylierung von JA eine Abschaltung der JA-Signaltransduktion dar. Die Funktionsanalyse von 12-Hydroxyjasmonat erfolgt durch zwei Projekte, einerseits in den photoperiodisch regulierten *Arabidopsis thaliana*-Pflanzen und andererseits in der tag-neutralen Tomate. Das Enzym, das 12-Hydroxyjasmonat in sein Sulfat umsetzt, wurde aus Tomate kloniert. In Überexpressionslinien und Repressionslinien wurden mögliche Funktionen

im Zusammenhang mit der Blütenentwicklung aufgezeigt. Eine analoge Untersuchung von *A. thaliana* fragt nach der Position dieses Enzyms im photoperiodischen Pathway der Blühinduktion und nach der Regulation der Jasmonatbiosynthese durch Licht. Die Analyse von Loss of function-Mutanten der Allenoxicyclase (AOC) führte zur Charakterisierung eines *aoc3*- und einer *aoc4*-Knockout-Mutante. Arbeiten zur Regulation der AOCs auf Proteinebene wurden begonnen.

In einem Projekt mit Probiodrug sind die gefundenen pflanzlichen Homologen der Glutaminylicyclase näher charakterisiert worden. Diese Arbeiten unterstützen die Entwicklung von Pharmaka mit Einfluss auf die Hormonfunktionalisierung in tierischen Systemen.

In den Arbeitsfeldern Tomate und Arabidopsis gibt es nationale und internationale Kooperationen. Das langjährige Know-how der AG in Bezug auf die 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 AG.

### MITARBEITER

**Domenika Arndt**  
Technische Assistentin von März bis August 2006

**Christian Böttcher**  
Technischer Assistent seit April 2006

**Carolin Delker**  
Doktorandin

**Verona Dietl**  
Technische Assistentin seit April 2006

**Stefan Götz**  
Diplomand bis August 2006

**Anja Hellwege**  
Diplomandin seit November 2005 bis November 2006

**Elke Hillert**  
Technische Assistentin

**Nils Kirmse**  
Diplomand seit Oktober 2006

**Robert Peter Lange**  
Postdoktorand seit März 2005

**Jana Neumerkel**  
Doktorandin seit Dezember 2004

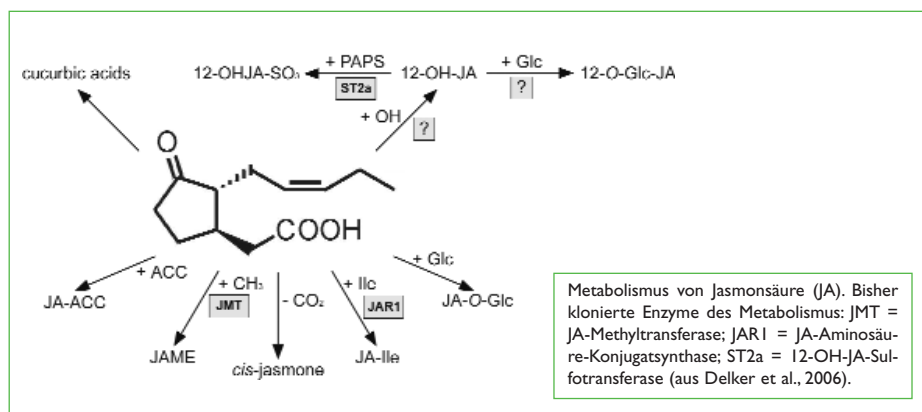
**Birgit Ortel**  
Technische Assistentin

**Markus Otto**  
Doktorand seit Oktober 2006

**Nadine Schumann**  
Diplomandin seit Oktober 2006

**Marco Steen**  
Technischer Assistent seit April 2006

**Stefanie Thumm**  
Technische Assistentin seit Februar 2005



### MITARBEITER

**René Geißler**

Diplomand bis September 2006

**Andreas Gesell**

Doktorand bis September 2006

**Romy Klausnitzer**

Diplomandin bis August 2006

**Silke Pienkny**

Doktorandin bis September 2006

**Silvia Wegener**

Technische Assistentin bis September 2006

Die Benzylisochinolin-Alkaloide zeigen mit ca. 2.500 bekannten Strukturen eine große strukturelle Diversität. Zu ihnen zählen das Betäubungsmittel Morphin, das Antitussivum Noscapin oder das antibakteriell wirksame Sanguinarin. Die Biosynthese bis zum zentralen Intermediat (S)-Retikulin erfolgt für alle monomeren Benzylisochinolone auf einem gemeinsamen Weg und ist durch enzymatische und molekularbiologische Untersuchungen gut belegt. Dagegen ist über die nachfolgenden Prozesse, die zur Diversität der Alkaloide führen, wenig bekannt. Das betrifft sowohl die Gene, die an der Biosynthese beteiligt sind, als auch die Regulation der einzelnen Stoffwechselwege bzw. Transportvorgänge der Intermediate. Ziel der Arbeitsgruppe ist es, cDNAs zu isolieren und zu charakterisieren, die an der Akkumulation von Benzylisochinolinen in Papaver-Spezies beteiligt sind.

Die Korrelation der Expressionsprofile von 2.000 ESTs in 16 verschiedenen Papaver-Spezies mit den speziesspezifischen Alkaloidprofilen führte zum Nachweis von 69 cDNAs, die aufgrund ihrer höheren Expression in morphinanalkaloidführenden Pflanzen an der Akkumulation dieser Klasse von Benzylisochinolinalkaloiden beteiligt sein könnten. Eine dieser cDNAs konnte als Salutaridin-Reduktase (SalR) identifiziert werden. Sie setzt Salutaridin stereospezifisch zu 7-(S)-Salutaridinol um und stellt damit einen wichtigen Zwischenschritt in der Biosynthese des Morphins dar. Dieses Enzym gehört zur großen Proteinfamilie der Short Chain Dehydrogenasen/Reduktasen (SDR), die in mehreren Sekundärstoffbiosynthesen vertreten sind. Die höchste Homologie zeigt die Salutaridin-Reduktase zur Menthon:Neomenthol-Reduktase, ein Enzym der Mentholbiosynthese. Beide Enzyme zeigten jedoch nach heterologer Überexpression in Bakterien eine strikte Substratspezifität hinsichtlich ihres natürlichen Substrates. Zur Untersuchung der strukturellen und molekularen Ursachen der Spezifität dieser Enzyme wurde ein Modell der Tertiärstruktur der SalR erstellt. Basierend auf diesem Modell konnten durch ortsgerichtete Mutagenese die am Katalysemechanismus beteiligten Aminosäuren bestätigt werden. Docking des Salutaridins an das aktive Zentrum des Enzyms gab Aufschluss darüber, welche Aminosäuren an

der Bindung des Substrates beteiligt sein könnten. Der Austausch einiger dieser Aminosäuren reduzierte die katalytische Effizienz in hohem Maße, bzw. führte zum Verlust der Aktivität und damit zu ersten experimentellen Hinweisen über eine Substratbindetasche für Benzylisochinolone.

Homologie-Modelling wird auch zur Charakterisierung einer weiteren, in morphinanführenden Pflanzen höher exprimierten cDNA angewendet. Diese cDNA kodiert für eine O-Methyltransferase der Klasse 2 mit hoher Homologie zu bereits isolierten O-Methyltransferasen im Benzylisochinolinstoffwechsel. Da nach Überexpression und Applikation verschiedener Substrate noch keine Aktivität detektiert werden konnte, wurde ein Modell der Tertiärstruktur der O-Methyltransferase erstellt. Docking verschiedener Substrate an das aktive Zentrum soll Hinweise über die Struktur möglicher Substrate geben.

Sechs P450-Monooxygenasen wiesen ein ähnliches Expressionsmuster auf wie die bereits bekannten Enzyme der Benzylisochinolinbiosynthese. Eines dieser CYP450-Enzyme zeigte nach heterologer Überexpression in Insektenzellen eine Aktivität gegenüber einem Intermediat der Morphinbiosynthese. Eine strukturelle Aufklärung des Produktes steht noch aus.





## PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE

### PUBLIKATIONEN 2006

Delker, C., Stenzel, I., Hause, B., Miersch, O., Feussner, I. & Wasternack, C. Jasmonate biosynthesis in *Arabidopsis thaliana* - Enzymes, products, regulation. *Plant Biol.* **8**, 297-306.

Ederli, L., Morettini, R., Borgogni, A., Wasternack, C., Miersch, O., Reale, L., Ferranti, F., Tosit, N., & Pasqualini, S. Interaction between nitric oxide and ethylene in the induction of alternative oxidase in ozone-treated tobacco plants. *Plant Physiol.* **142**, 595-608.

Mur, L. A. J., Kenton, P., Atzorn, R., Miersch, O. & Wasternack, C. The outcomes of concentration specific interactions between salicylate and jasmonate signalling include synergy, antagonism and the activation of cell death. *Plant Physiol.* **40**, 249-262.

Nualkaew, N., De-Eknamkul, W., Kutchan, T. M. & Zenk, M. H. Membrane-bound geranylgeranyl diphosphate phosphatases: Purification and characterization from *Croton stellatopilosus* leaves. *Phytochemistry* **67**, 1613-1630.

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.

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* **67**, 264-276.

Sreenivasulu, N., Radchuk, V., Strickert, M., Miersch, O., Weschke, W. & Wobus, U. Gene expression patterns reveal tissue-specific signaling networks controlling programmed cell death and ABA-regulated maturation in developing barley seeds. *Plant J.* **47**, 310-327.

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.* **163**, 297-306.

Wasternack, C. Jasmonates - Biosynthesis, signal transduction and action. *Annals of Botany Lecture. Reg. Plant Growth & Dev.* **41**, Suppl. 2006, 11.

Winkler, A., Kutchan, T. M., Glieder, A. & Machereux, P. Berberine bridge enzyme possesses a novel bi-covalently attached FAD cofactor linked to a histidine and cysteine residue. *J. Biol. Chem.* **281**, 21276-21285.

Ziegler, J., Voigtländer, S., Schmidt, J., Kramell, R., Miersch, O., Ammer, C., Gesell, A. & Kutchan, T. M. Comparative transcript and alkaloid profiling in *Papaver* species identifies a short chain dehydrogenase/reductase involved in morphine biosynthesis. *Plant J.* **48**, 177-192.

### BUCHKAPITEL

Wasternack, C. Oxylipins - Biosynthesis, Signal Transduction and Action. In: *Plant Hormone Signaling*, Vol. **24**, Annual Plant Reviews (Hedden, P. & Thomas, S., eds.) Blackwell, Oxford, UK. pp. 185-228.

### PUBLIKATIONEN IM DRUCK

Frick, S., Kramell, R. & Kutchan, T. M. Metabolic engineering of a morphine biosynthetic P450 in opium poppy surpasses breeding. *Metab. Eng.*, doi:10.1016/j.ymben.2006.10.004

Larkin, P. J., Miller, J., Allen, R. S., Millgate, A. G., Chitty, J. A., Gerlach, W. L., Frick, S., Kutchan, T. M. & Fist, A. J. Increasing morphinan alkaloid production by overexpressing codeinone reductase in transgenic *Papaver somniferum*. *Plant Biotech. J.*, **5**, 26-37, 2007.

Schilling, S., Stenzel, I., von Bohlen, A., Wermann, M., Schulz, K., Demuth, H.-U. & Wasternack, C. Isolation and characterization of the glutaminyl cyclases from *Solanum tuberosum* and *Arabidopsis thaliana*: Implications for physiological functions. *Biol. Chem.* **388**, doi: 10.1515/BC.2007.

Schmidt, J., Böttcher, C., Kuhnt, C., Kutchan, T. M. & Zenk, M. H. Poppy alkaloid profiling by electrospray tandem mass spectrometry and electrospray FT-ICR mass spectrometry after [<sup>13</sup>C]-tyramine feeding. *Phytochemistry*.

Springob, K., Samappito, S., Jindaprasert, A., Schmidt, J., Page, J. E., De-Eknamkul, W. & Kutchan, T. M. A polyketide synthase of *Plumbago indica* that catalyzes the formation of a hexaketide pyrone. *FEBS J.*

### BÜCHER UND BUCHKAPITEL IM DRUCK

Frick, S., Kramell, R., Larkin, P. J. & Kutchan, T. M. Studying morphine biosynthesis using transgenic opium poppy (*Papaver somniferum* L.). In: *Proc. WOCMAP III*, Vol. **1**: *Bioprospecting & Ethnopharmacology* (Bernáth, J., Németh, É., Craker, L. E. & Gardner, Z. E., eds.).

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

Wasternack, C., Hause, B., Stenzel, I., Götz, S., Feussner, I. & Miersch, O. Jasmonate signaling in tomato - The input of tissue-specific occurrence of allene oxide cyclase and JA metabolites. In: *Proceeding of the 17th Int. Symp. on Plant Lipids*. July 16-21, 2006, East Lansing (J. Ohlrogge and C. Benning, eds.).

Selektive molekulare Wechselwirkungen von organischen Molekülen sind eine entscheidende Eigenschaft für ihre Funktion im biologischen und medizinischen Raum, wobei das Spektrum von der spezifischen Komplexierung simpler Ionen über die Beeinflussung von funktionellen Biopolymeren wie Proteinen (z.B. Enzyme, Rezeptoren, Antikörper) oder Nukleinsäuren bis hin zur selektiven Bindung an Oberflächenstrukturen (z. B. aus Polysacchariden) reicht. Die Erkennung ist dabei häufig auch mit einer (aktiven) Funktion verknüpft, z.B. bei Enzymen mit einer katalytischen Aktivität. Um Moleküle mit interessanten Bindeeigenschaften und Funktionen zu erhalten, gibt es prinzipiell zwei Wege: Die Isolierung natürlicher Substanzen und die organische Synthese. Beide Wege werden in der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie besprochen, um Grundlagen für neue Methoden und Wirkstoffe zu liefern.

Highlights des vergangenen Jahres sind die abgeschlossenen Totalsynthesen der Wirkstoffe Tubulysin U (gegen Krebs) und Galanthamin (gegen Alzheimer) sowie die enzymatischen Synthesen von isoprenoiden Naturstoffen mittels Enzymkatalyse, z.T. verändert durch rationales Proteindesign. Besonders erfolgreich war die Synthese von Peptoiden durch multiple Mehrkomponentenreaktionen, die in Zukunft auch sequentiell möglich sind und so neue chemische Welten eröffnen.

Um den Herausforderungen unserer multidisziplinären Arbeit besser zu begegnen und die starke Verknüpfung mit der Biologie zu unterstreichen und weiter voranzutreiben, wurde die Kompetenzgruppe *Screening* neu eingerichtet, die mit den Kompetenzgruppen *Naturstoffe*, *Synthese*, *Chemoenzymatik*, *Spektroskopie* und *Computerchemie* die neue Struktur der Abteilung wiedergibt. In einzelnen Projekten werden dann die diversen Kompetenzen abhängig von Bedarf und zeitlichem Verlauf zusammengeführt.

Mit sieben abgeschlossenen Promotionen und über 30 Publikationen in wissenschaftlichen Journalen, elf referierten Datenbankeinträgen, einem Lehrbuch (*Naturstoffchemie*) und einer Patentanmeldung war 2006 publizistisch ein Ausnahmehjahr, zumal gleich mehrere Artikel in den Topzeitschriften *Angewandte Chemie* und *Journal of the American Chemical Society* sowie in den führenden organischen Journalen *Chemical Communications* und *Journal of Organic Chemistry* erschienen sind. Die Abteilung nahm, neben der Evaluierung der Leibniz-Gemeinschaft,



## AG NATURSTOFFE

Leiter: Norbert Arnold & Jürgen Schmidt

**Die Arbeitsgruppe Naturstoffe beschäftigt sich mit der Isolierung und Charakterisierung von Sekundärmetaboliten aus Pflanzen und Höheren Pilzen sowie mit deren Biosynthese und ihrer phylogenetischen Entstehung. Es werden Sammlungen von lebenden und konservierten Pilzen und Pflanzen sowie von Extrakten unterhalten.**

### BLÜTENÖLE

Blüten produzieren eine Vielzahl spezifischer Substanzen. Neben Nektar, Farb- und Duftstoffen sind dies z. B. Harze, Wachse und Blütenöle. Letztere sind nichtflüchtige Lipide, die von spezialisierten Drüsen, den Elaiophoren, für ölsammelnde Bienen sekretiert werden. Als Hauptbestandteile der Blütenöle verschiedener südafrikanischer *Diascia*-Arten (*Scrophulariaceae*) konnten mittels GC-MS  $\beta$ -Hydroxyfettsäuren sowie Mono-, Di- und Triacylglycerole identifiziert werden. Während die Monoacylglycerole eine langkettige  $\beta$ -Acetoxylfettsäure ( $C_{14}$ ,  $C_{16}$  und  $C_{18}$ ) tragen, enthalten die Di- und Triacylglycerole eine langkettige  $\beta$ -Acetoxylfettsäure und eine bzw. zwei kurzkettige  $\beta$ -Acetoxylfettsäuren. Mit Profiling-Untersuchungen von diversen Blütenölen mittels ESI-FT-ICR-MS wurde begonnen.

### PILZE

*Sepedonium*-Arten parasitieren auf Fruchtkörpern der Boletales (Röhrlinge und Röhrlingsverwandte). Nach Befall von Boletales-Fruchtkörpern durch *Sepedonium spp.* im Freiland ist eine weitere Infektion des Fruchtkörpers durch mykophile Pilze anderer Gattungen nicht zu beobachten. Dies lässt die Produktion von Abwehrsubstanzen vermuten. Zur Klärung dieser Hypothese wurden Rohextrakte verschiedener *Sepedonium*-Arten auf ihr fungizides (und bakterizides) Potential getestet, wobei in allen untersuchten Fällen eine hohe fungizide Aktivität festgestellt werden konnte.

Aus dem Stamm *S. chrysospermum* CBS 140.23, bei dem es sich nach DNA-Analyse um *S. laevigatum* handelt, konnten die fungizid wirkenden Peptaibole Chrysospermin A–D, sowie die Tropolonabkömmlinge Sepedonin und Anhydrosepedonin isoliert werden.

### ENDEMISCHE PFLANZEN SOKOTRAS (REPUBLIK JEMEN)

Die jemenitische Flora, insbesondere die der Insel Sokotra, ist reich an endemischen Pflan-

zen, die phytochemisch bisher kaum untersucht sind. Viele dieser Pflanzen werden in der arabischen Volksmedizin genutzt. In einer ersten Studie wurden 60 Extrakte von Medizinalpflanzen Sokotras auf ihre fungiziden und antioxidativen Eigenschaften getestet. Während die methanolischen Extrakte von *Kalanchoe farinacea*, *Caralluma socotrana* und *Boswellia socotrana* eine vielversprechende antioxidative Wirkung zeigten, weisen solche von *Pulicaria stephanocarpa* und *Acridocarpus socotranus* fungizide Wirkung auf.

### ALGEN

In Kooperation mit der Hochschule Anhalt (Carola Griehl) wurden Rohextrakte diverser Algen (z. B. *Chlorella vulgaris*) untersucht, wobei Auszüge der Mikroalge *Eustigmatos magnus* eine sehr gute Aktivität gegen Bakterien, z.B. MRSA *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus capitis* und *Bacillus subtilis* besitzen. Ziel des Projektes ist die Isolierung und Charakterisierung der bioaktiven Verbindungen.

### HEANTOS

Heantos ist ein auf der traditionellen Medizin Vietnams basierendes Mittel zur Erleichterung des Drogenentzugs. Es besteht aus 13 Medizinalpflanzen bzw. Naturprodukten. In einem von den Vereinten Nationen (UNDP) initiierten internationalen Projekt beschäftigen wir uns - zusammen mit unserem vietnamesischen Partner - mit der phytochemischen Charakterisierung der Pflanzen. Für eine mögliche Standardisierung der Arznei wurden Kapseln der sehr komplexen Heantos-Mixtur unter Nutzung einzelner Leitsubstanzen mittels Kopplung von HPLC und tandem-massenspektrometrischen Methoden untersucht. Die Laborarbeiten endeten im März 2006.

### MITARBEITER

**Kanchana Dumri**  
 Doktorandin

**Katrin Franke**  
 Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Monika Kummer**  
 Technische Assistentin

**Tilo Lübken**  
 Doktorand

**Katharina Michels**  
 Diplomandin (FH)

**Axel Teichert**  
 Doktorand

**Carlo Tiebe**  
 Diplomand

### MITARBEITER

**Cristiano Bohn-Rhoden**  
Doktorand

**Gudrun Hahn**  
Technische Assistentin

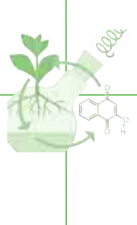
**Roman Weber**  
Doktorand

**Svetlana Zakharova**  
Postdoktorandin

Die Arbeitsgruppe Chemoenzymatik beschäftigt sich mit der Entwicklung neuer Enzyme und enzymatischer Prozesse für die Anwendung in der (synthetischen) Chemie und dem Verständnis enzymatischer Reaktionsmechanismen. Enzyme sind nicht nur umweltfreundliche Katalysatoren, sondern erlauben oft klassisch nicht durchführbare Reaktionen oder besitzen ungewöhnliche Selektivitäten und Mechanismen. Unser spezielles Interesse gilt dabei den isoprenoidverarbeitenden Enzymen (Prenyltransferasen, Terpenyclasen, Steroidmodifikatoren), Selenoenzymen mit analogen Schwefelenzymen und pflanzlichen (Glycosyl-, Methyl-)Transferasen. Zusätzlich stellen die bearbeiteten Enzyme aber auch Studienobjekte für das Design von Inhibitoren dar.

Der Schlüsselschritt in den Synthesen mehrerer natürlicher Meroterpenoide aus *Kuhistanania spec.* war jeweils ein enzymatischer Prenyltransfer. Neue Arbeiten konzentrieren sich auf die Verwendung modifizierter Prenyltransferasen zur enzymatischen Synthese von Terpenoiden. Dazu konnte durch rationales Proteinengineering das Produktspektrum einer Terpenyclase, die in der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie entdeckt wurde, verändert werden. Weitere Arbeiten konzentrieren sich auf die Nutzung von Hydrolasen, besonders Esterasen für die dynamische, kinetische Racematspaltung und von Amidasen für die selektive Schutzgruppenabspaltung.

Im Bereich mechanistischer Studien wurde auf Grundlage zweier Homologiemodelle der menschlichen Thioredoxinreduktase im Komplex mit Thioredoxin als Substrat die Ausbildung eines neuen Typs einer katalytischen Triade zwischen Selenocystein (Sec), Histidin und einem Glutamat postuliert. In Kooperation mit Stephan Gromer (Heidelberg) wurden nun Mutationsstudien an der Glutamat-Position durchgeführt, welche die funktionelle Bedeutung dieser Aminosäure im Katalysemechanismus bestätigen. Der bisher akzeptierte generelle Katalysemechanismus muss deshalb unter Einbeziehung dieser *springenden* katalytischen Triade erweitert werden.

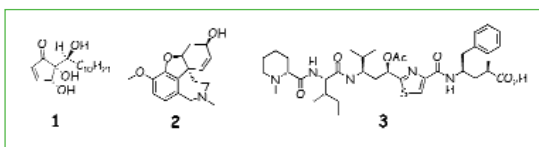


## AG SYNTHESE

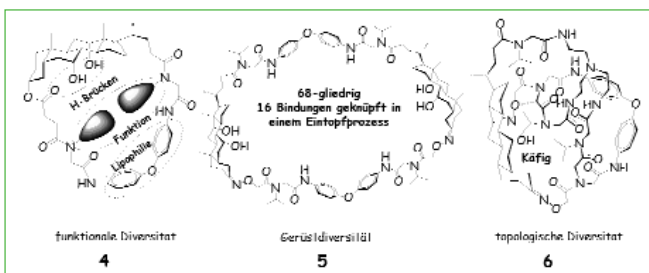
Leiter: Ludger Wessjohann & Bernhard Westermann

Um die Vielzahl biologischer Interaktionen zu steuern, bedient sich die Natur einer Fülle niedermolekularer Substanzen. Eine direkte Nutzung scheitert oft an der Verfügbarkeit. Die Synthese von Naturstoffen, naturstoffähnlichen Molekülen und artifizialen Variationen eröffnet den Zugang zu ausreichenden Substanzmengen zum Erkunden der biologischen Eigenschaften oder zur weiteren Entwicklung hin zum Produkt. Derivate erlauben das Ausloten von Struktur-Eigenschafts-Beziehungen und liefern die Basis für neue Erkenntnisse, während Katalysatoren und Wirtsmoleküle für spezielle Funktionen entworfen und synthetisiert werden.

Im Bereich der targetorientierten Totalsynthesen konnte die Herstellung von Hygrophoron (1), Galanthamin (2) und erstmalig zu Tubulysin (3) realisiert werden. Insbesondere letz-



tere sind als die aktivsten Microtubuli auflösenden Naturstoffe mit z. T. picomolarer Wirksamkeit hochinteressant, und fanden weltweite Resonanz. Die erste Synthesesequenz bedient sich in der Schlüsselreaktion einer Mehrkomponentenreaktion, die besonders atomökonomisch und effizient die zentrale heterozyklische Aminosäure Tubuvalin liefert. Die Synthese der pilzlichen und pflanzlichen Inhaltsstoffe 1 und 2 nutzt die asymmetrische Sharpless-Dihydroxylierung als initialen Schritt, um die Naturstoffe in enantiomerenreiner Form bereitzustellen. Vom Galanthamin, welches als Therapeutikum gegen Alzheimer Anwendung findet, konnten neue Derivate für biologische Aktivitätstests erzeugt werden.

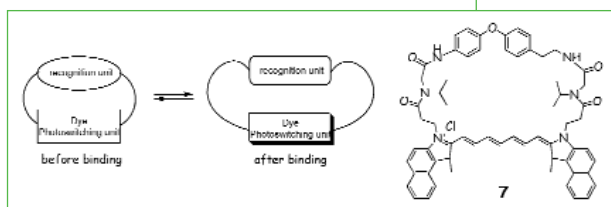


Die makrocyclischen Peptiden häufig inhärente Komplexität konnte durch die Makrozyklisierung durch multiple Multikomponentenreaktionen mit bifunktionellen Bausteinen imitiert werden (MiB-Zugang). Durch Variation der Ausgangskomponenten entstanden im Eintopfverfahren Produkte mit sehr hoher Diversität in

Grundgerüst, Topologie und Funktion (4-6). Der peptoidische Aufbau bedingt dabei eine sehr hohe metabolische Stabilität. Sequentielle multiple Mehrkomponentenreaktionen sollen in Zukunft den Zugang zu noch komplexeren Peptidmimetika erlauben.

Die Bestimmung biologischer Interaktionen in Zellen bedarf einer geeigneten Sensoreinheit. In unsere Makrozyklen konnten wir erstmals Cy-Farbstoffe integrieren (vgl. Verb. 7), die nicht nur die eigentliche Bindung der Erkennungseinheit anzeigen, sondern auch eine Änderung im Absorptionsspektrum des integralen Sensors herbeiführen sollen. Neben der passiven konnten auch aktive Eigenschaftsänderungen erreicht werden. So kann z.B. ein optischer, integrierter Schalter, der die Erkennungseinheit in ihrer Konformation beeinflusst, je nach Bedarf bindende oder nichtbindende Zustände herbeiführen.

Effektive Zugänge zu derartig komplexen Natur- und Wirkstoffen erfordern zwingend die Entwicklung neuer Synthesemethoden. Hier lag der Fokus auf organokatalysierten Reaktionen, insbesondere auf Mannich-Reaktionen und Hydroxylierungen. In Kooperation wurden ferner Übergangsmetallkatalysierte Reaktionen optimiert. Neue, leicht zugängliche Liganden und die Beschleunigung durch mikrowellen-assistierte Umsetzungen lieferten die Produkte mit sehr hohen Enantioselektivitäten in Minuten statt Tagen.



## MITARBEITER

Muhammad Abbas  
 Postdoktorand

Muhammad Ayaz  
 Doktorand

Carlos Boluda  
 Postdoktorand

Kristin Brand  
 Doktorandin

Andriy Buchynskyy  
 Postdoktorand

Marco Dessoy  
 Postdoktorand

Viktor Dick  
 Doktorand

Simon Dörner  
 Doktorand

Tobias Draeger  
 Doktorand

Uwe Eichelberger  
 Postdoktorand

Matthäus Getlik  
 Diplomand

Daniel Garcia-Rivera  
 Doktorand

Gergely Gulyas  
 Doktorand

Michael Henze  
 Doktorand

Oliver Kreye  
 Doktorand

Fredy Leon-Reyes  
 Doktorand

Angela Schaks  
 Technische Assistentin

Gisela Schmidt  
 Technische Assistentin

Mingzhao Zhu  
 Doktorand

## AG SPEKTROSKOPIE

Leiter: Andrea Porzel & Jürgen Schmidt

### MITARBEITER

**Christine Kuhnt**  
Technische Assistentin

**Martina Lerbs**  
Technische Assistentin

**Maritta Süße**  
Technische Assistentin

Die Arbeitsgruppe Spektroskopie beschäftigt sich mit der Identifizierung und Strukturaufklärung von Naturstoffen aus Pflanzen und Pilzen, mit Metabolic Profiling (Metabolomics) und zunehmend mit physikochemischem Screening. Dazu werden moderne massenspektrometrische Verfahren, NMR-spektroskopische Experimente und Methoden der optischen Spektroskopie (IR, UV, CD) eingesetzt. Die synthetischen Arbeiten der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie werden durch MS- und NMR-Untersuchungen unterstützt. In Kooperation mit den anderen Abteilungen des IPB und externen Forschungsgruppen werden weitere analytische und strukturelle Fragestellungen bearbeitet.

### MASSENSPEKTROMETRISCHE UNTERSUCHUNGEN

Für die Bestimmung von Hygrophoronen aus neu untersuchten Hygrophorus-Arten wurden unter Nutzung der negativen Ionisierung typbezogene (Hygrophorone Typ I und II) spurenanalytische Methoden (LC/ESI-SRM, Selected Reaction Monitoring) erarbeitet.

In Zusammenarbeit mit dem Biozentrum Halle und der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie am IPB wurden Untersuchungen zum Profiling von Alkaloiden mittels ESI-FT-ICR-MS und tandem-massenspektrometrischen Methoden nach Fütterung von [Ring-<sup>13</sup>C<sub>6</sub>]-Tyramin an *Papaver somniferum* abgeschlossen. Darüber hinaus erwies sich die FT-ICR-MS auch zum Profiling anderer Papaver-Arten als sehr effektive Methode. Elektrospray-FT-ICR-Massenspektrometrie diente auch zur exakten Massenbestimmung einer Vielzahl synthetischer Verbindungen (z. B. N-(β-D-Glucopyranosyl)-Monoamide von Disäuren, eine Zusammenarbeit der AG Synthese mit Prof. Somsak, Ungarn) und Naturstoffen, so u. a. für die Strukturermittlung von Apocarotinoiden und Cyclohexanon-Glykosiden in mykorrhizierten Wurzeln von *Ornithogalum umbellatum* sowie Flavonolen und Indolalkaloiden mit acylierten glykosidischen Gruppen aus *Papaver nudicaule* (Zusammenarbeit mit der Abteilung Sekundärstoffwechsel).

Zur Bestimmung von Carotinoiden wurden die CID-Massenspektren von mittels APCI (Atmospheric Pressure Chemical Ionisation) erzeugten [M+H]<sup>+</sup>-Ionen aufgenommen. Aus der Flechtenfamilie Physciaceae wurde eine Reihe phenolischer Verbindungen (z. B. Atranorin und

Chloratranorin) mittels LC-MS/MS bestimmt (Zusammenarbeit mit Dr. Huneck, Langenbogen).

### STRUKTURUNTERSUCHUNGEN MIT NMR-SPEKTROSKOPIE

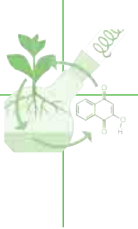
Die Strukturen einer Serie von Carbolinalkaloiden aus dem Pilz *Cortinarius brunneus* wurden mit ein- und zweidimensionalen NMR-spektroskopischen Methoden aufgeklärt. Aus dem gleichen Pilz wurden in Mengen << 1 mg N-glukosylierte Indolalkaloide isoliert, deren Strukturen ebenfalls mit NMR-Spektroskopie vollständig aufgeklärt werden konnten.

Die Ergänzung des bisherigen NMR-Methodenrepertoires durch <sup>1</sup>H-<sup>15</sup>N-HSQC und <sup>1</sup>H-<sup>13</sup>C-HSQC-TOCSY erlaubte u.a. die NMR-spektroskopische Charakterisierung von Peptoiden mit repetitiven Strukturelementen und die quantitative Bestimmung der Isomerenverteilung der amidischen *s-cis/s-trans*-Isomere.

Das NMR-Labor nahm erfolgreich an einem nationalen Ringversuch zur Gehaltsbestimmung eines pharmakologischen Wirkstoffs (Rutin) mittels quantitativer <sup>1</sup>H-NMR-Spektroskopie teil.

### IR, UV, CD

Im Bereich der optischen Spektroskopie wurde das Methodenspektrum durch Einführung von IR-Aufnahmen mit abgeschwächter Totalreflexion (ATR) erweitert. Die FT-ATR-IR-Methode erlaubt sowohl eine effektivere Präparation herkömmlicher Proben als auch die Untersuchung bisher nicht zugänglicher Proben wie polymergebundener Verbindungen.



## AG SCREENING

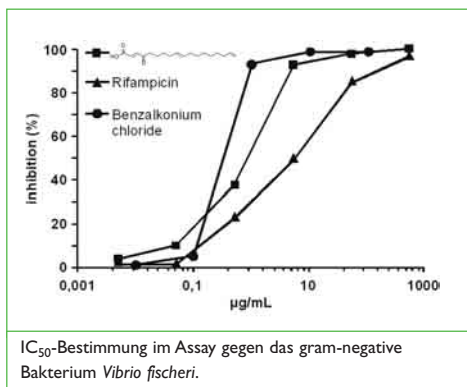
Leiter: Norbert Arnold & Bernhard Westermann

**Die Kompetenzgruppe Screening wurde im Januar 2006 neu etabliert. Hier werden biologische, chemische und virtuelle Assays durchgeführt, wobei dies nicht nur auf die Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie beschränkt ist, sondern auch den anderen Abteilungen des IPB und z.T. Kooperationspartnern offen steht.**

### BIOLOGISCHES SCREENING

Syntheseprodukte oder die aus Pilzfruchtkörpern, Kultivaren und Pflanzen europäischer und außereuropäischer Herkunft isolierten Fraktionen oder gereinigten Inhaltsstoffe werden in zell- oder organismen-basierten Assays auf ihre bioziden (fungiziden, bakteriziden, herbiziden, algiziden, antiproliferativen, zytotoxischen) Eigenschaften getestet. Die Ergebnisse liefern wertvolle Hinweise, in welche Richtung weitergehende Isolierungsarbeiten oder synthetische Derivatisierungen sinnvoll sind, oder wo aufgrund der Aktivität eine tiefergehende Untersuchung und Weiterentwicklung aussichtsreich ist.

Ergänzt werden diese Tests durch biochemische Assays, z. B. Enzym- oder Rezeptorbindestudien, die einem klaren Mechanismus zuzuordnen sind und vor allem eine rationale Korrelation durch Kooperation mit dem virtuellen Screening und über quantitative Struktur-Eigenschaftsbeziehungen (QSAR) zulassen.



### CHEMISCHES SCREENING

Durch multiple Multikomponentenreaktionen an bifunktionellen Bausteinen können in hoher Diversität makrozyklische Wirtverbindungen generiert werden. Darunter sollten Verbindungen selektiert werden, die in den erzeugten Bindungstaschen u. a. Metallionen selektiv binden können. In einigen Fällen kann die Selektion bereits während der Synthese durch die templategesteuerte Bevorzugung geeigneter Makro-

zyklen aus dynamischen kombinatorischen Bibliotheken eine Vorselektion erfolgen. Durch Zusatz von Magnesium oder Bariumionen entsteht jeweils ein deutlich verändertes Produktspektrum. Diese Untersuchungen werden weitergeführt, um selektive Binder für diverse Erkennungsprozesse zu identifizieren und so molekulare Interaktionen aktiv zu beeinflussen.

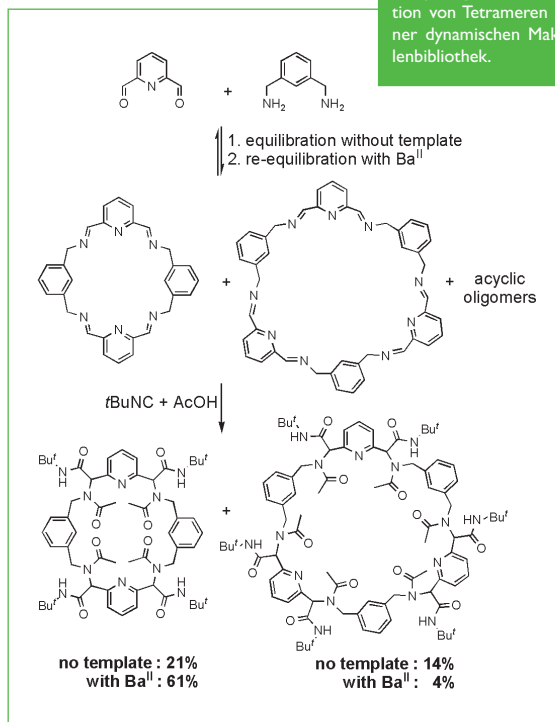
### VIRTUELLES SCREENING

In Zusammenarbeit mit der Gruppe Computerchemie werden die durch virtuelles Screening prognostizierten aktiven Verbindungen in spezifischen Assays getestet. Es werden neue Methoden zum schnellen *in silico* Screening großer 2D-Strukturdatenbanken entwickelt und angewendet. Auf der Grundlage von 3D-Datenbanken werden Methoden der Pharmakophorsuche sowohl auf biochemische (Enzyme, Rezeptoren) als auch chemische (Makrozyklen) Wirte zum Auffinden selektiv bindender Gäste (Liganden) angewandt.

### MITARBEITER

**Claudia Bobach**  
 Doktorandin

**Martina Lerbs**  
 Technische Assistentin



### MITARBEITER

**Frank Broda**  
Programmierer

**Stephanie Gulde**  
Doktorandin

**Tobias Heintz**  
Doktorand

**Robert Klein**  
Diplomand

**Silke Pienkny**  
Doktorandin

**Ernst Roemer**  
wissenschaftlicher Mitarbeiter

**Diana Schulze**  
Doktorandin

Die AG Computerchemie beschäftigt sich mit der Analyse von molekularen Strukturen (kleine Moleküle mit Naturstoffen, 3D-Proteinstrukturen) und deren Wechselwirkungen, von Reaktionsmechanismen und von physikochemischen (spektroskopischen) Daten mittels Methoden des *Molecular Modelling*, der Bio- und Chemoinformatik und der Theoretischen Chemie.

### PROTEIN-HOMOLOGIE-MODELLING

In Kooperation mit der Abteilung Sekundärstoffwechsel wurden dreidimensionale Modelle von drei Sinapoyltransferasen entwickelt. Diese Modelle sind in der Lage, die unterschiedlichen Substratspezifitäten und evolutionäre Zusammenhänge zu Serincarboxypeptidasen zu erklären. Mutationen einzelner Aminosäuren im katalytisch aktiven Zentrum bestätigen die prinzipielle Richtigkeit der Modelle. Ferner wurde eine *short chain dehydrogenase* modelliert und mit spezifischen Liganden gedockt. Mutationsstudien an vorhergesagten wichtigen Positionen im katalytisch aktiven Zentrum bestätigen die theoretischen Arbeiten und führten zu Einblicken in die evolutiven Aspekte der Entstehung des Enzyms.

In Kooperation mit Birgit Dräger (MLU Halle) entwickelten wir ein Modell der Putrescin-N-Methyltransferase. Es konnten die Ursachen für die Substratspezifität des Enzyms auf molekularer Basis erklärt werden.

In Kooperation mit Volker Lipka (Tübingen) wurde ein Modell einer PEN2-Glycosylhydrolase entwickelt.

In Kooperation mit Ernst Reiss (Aschersleben) modellierten wir acht pflanzliche Thaumatin-ähnliche Proteine. Alle acht Strukturen wurden von der Proteindatenbank akzeptiert.

In Zusammenarbeit mit der AG Chemoenzymatik wurden für Terpenocyclasen und Selenoproteine Strukturen entworfen. Unsere Vorschläge für Mutationen für mechanistische und synthetische Studien konnten erfolgreich umgesetzt werden.

### CHEMOINFORMATIK UND SOFTWAREENTWICKLUNGEN

Im Rahmen einer Diplomarbeit wurden die Proteinbindestellen von Diphosphaten analysiert. Hierfür erfolgte die Extraktion von 771 verschiedenen Proteinen mit unterschiedlichen Liganden aus der Proteindatenbank. Die Analysen wurden in die metallkationenvermittelte Bindung des Diphosphats und metallionenfreie unterteilt. Es ergaben sich dabei differenzielle strukturelle Motive, die erste neue Ansatzpunkte für die Evolution von prenylierenden Enzymen ergaben.

### CHEMOINFORMATIK UND 2D-NMR-DATENBANKSYSTEM

Heutige Methoden zur Substruktursuche oder Ähnlichkeitssuche von Molekülen in großen Datenbanken sind in ihrer Effektivität und Schnelligkeit begrenzt. Virtuelle Datenbanken mit mehreren Milliarden Verbindungen bedingen die Entwicklung weitaus schnellerer und effizienterer Methoden zum Durchsuchen dieser großen Datenmengen. Erste eigene Programmentwicklungen eröffnen optimistische Ausblicke, diese Zielstellungen zu erreichen. In diesem Zusammenhang wurden auch die chemoinformatischen Untersuchungen zu Naturstoffen fortgeführt.

In Kooperation mit Alexander Hinneburg (Informatik, MLU Halle) konnte gezeigt werden, dass das ursprünglich für Textanalysen entwickelte Probabilistic Latent Semantic Indexing (PLSI) geeignet ist, 2D-NMR-Spektren mathematisch zu modellieren und Ähnlichkeitsanalysen vorzunehmen (Wolfram 2006). Der 2D-NMR-Datenbestand wurde weiter vergrößert.





**PUBLIKATIONEN  
 DER ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE**

**PUBLIKATIONEN 2006**

- Abbas, M., Bethke, J. & Wessjohann, L.A. One pot synthesis of selenocysteine containing peptoid libraries by Ugi multicomponent reactions in water. *Chem. Commun.* **5**, 541-543.
- Augustin, T., Schlosser, D., Schmidt, J., Baumbach, R., Grancharov, K., Krauss, G. & Krauss, G. J. Biotransformation of 1-naphthol by a strictly aquatic fungus. *Curr. Microbiol.* **52**, 216-220.
- Braga, A.L., Vargas, F., Sehnem, J. A. & Wessjohann, L.A. Microwave-mediated palladium-catalyzed asymmetric allylic alkylation using chiral  $\beta$ -seleno amides. *Eur. J. Org. Chem.* 4993-4997.
- Brandt, W. Thaumatin-like protein I. - 8. Protein data bank, entry: 2DOV, 2DOW, 2DOZ, 2DOX, 2DOY, 2DPOI, 2DP2 & 2DP0.
- Brandt, W. & Stehle, F. 1-O-sinapoyl- $\beta$ -glucose:choline sinapoyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. Protein Data Bank, Entry: 2DRG.
- Brandt, W. & Stehle, F. 1-O-sinapoyl- $\beta$ -glucose:choline sinapoyltransferase from *Brassica napus*. Protein Data Bank, entry: 2DTP.
- Brandt, W. & Stehle, F. 1-O-sinapoyl- $\beta$ -glucose:L-malate sinapoyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. Protein Data Bank, entry: 2DRF.
- Czifrak, K., Hadady, Z., Docsa, T., Gergely, P., Schmidt, J., Wessjohann, L.A. & Somsak, L. Synthesis of N-(beta-D-glucopyranosyl) mannosides of dicarboxylic acids as potential inhibitors of glycogen phosphorylase. *Carbohydr. Res.* **341**, 947-956.
- de Greef, M., Abeln, S., Belkasmi, K., Dömling, A., Orru, R.V. & Wessjohann, L.A. Rapid combinatorial access to macrocyclic ansapeptoids and ansapeptides with natural-product-like core structures. *Synthesis* 3997-4004.
- Dömling, A., Beck, B., Eichelberger, U., Sakamuri, S., Menon, S., Chen, Q.-Z., Lu, Y. & Wessjohann, L.A. Total synthesis of tubulysin U and V. *Angew. Chem.* **118**, 7393-7397; *Angew. Chem. Int. Ed.* **45**, 7235-7239.
- Franko, K., Hoffmann, M., Schmidt, J., Porzel, A., Arnold, N. & Wessjohann, L.A. 2<sup>0</sup>-O-Glucosylvite-xin, a chemotaxonomic marker for the genus *Cryptocoryne* (Araceae). *Biochem. System. Ecol.* **34**, 546-548.
- Gray, I.J., Ren, R., Westermann, B. & Kluger, R. Lanthanum-catalyzed aqueous acylation of monosaccharides by benzoyl methyl phosphate. *Can. J. Chem.* **84**, 620-624.
- Gromer, S., Wessjohann, L.A., Eubel, J. & Brandt, W. Mutational studies confirm the catalytic triad in the human selenoenzyme thioredoxin reductase predicted by molecular modeling. *ChemBioChem* **7**, 1649-1652.
- Hornung, E., Krüger, C., Pernstich, C., Gimpans, M., Porzel, A. & Feussner, I. Production of (10E,12Z)-conjugated linoleic acid in yeast and tobacco seeds. *Biochimica et Biophysica Acta – Mol. Cell Biol. Lipids.* **1739**, 105-114.
- Horvath, G., Guisnez, Y., Wessjohann, L.A., Caubergs & R. J., Horemans, N. Differential distribution of tocopherols and tocotrienols over photosynthetic and non photosynthetic tissues in higher plants. *Phytochemistry* **67**, 1185-1195.
- Huang, X., Roemer, E., Sattler, I., Moellmann, U., Christner, A. & Grabley, S. Lydiamycins A-D: A new class of small cyclodepsipeptides with anti-mycobacterial properties. *Angew. Chem. Int. Ed.* **19**, 3067-3072; *Angew. Chem.* **118**, 3138-3143.
- Huneck, S. & Schmidt, J. Phenolische Verbindungen einiger Flechten aus der Familie Physciaceae. *Herzogia* **19**, 199-203.
- Kreye, O., Westermann, B., Rivera, D. G., Johnson, D. V., Orru, R.V.A. & Wessjohann, L.A. Dye-modified and photoswitchable macrocycles by multiple multicomponent macrocyclizations including bifunctional building blocks (MiBs). *QSAR Combinat. Sc.* **25**, 461-464.
- 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.* **41**, 361-371.
- Paixao, M.W., de Godoi, M., Bohn Rhoden, C.R., Westermann, B., Wessjohann, L.A. Lüdtkke, D.S. & Braga, A.L. The application of chiral, non-racemic N-alkylphedrine and N,N-dialkylnorephedrine as ligands for the enantioselective aryl transfer reaction to aldehydes. *J. Mol. Catal. A.* **261**, 120-124.
- Reiss, E., Schlesier, B. & Brandt, W. cDNA sequences, MALDI-TOF analyses, and molecular modelling of barley PR-5 proteins. *Phytochemistry* **67**, 1856-1864.
- Rivera, D. G. & Wessjohann, L.A. Supramolecular compounds from multiple Ugi multicomponent macrocyclizations: Peptoid-based cryptands, cages, and cryptophanes. *J. Amer. Chem. Soc.* **128**, 7122-7123.
- Schliemann, W., Schneider, B., Vray, V., Schmidt, J., Nimtz, M., Porzel, A. & Böhm, H. Flavanols and an indole alkaloid skeleton bearing identical acalated glycosidic groups from yellow petals of *Papaver nudicaule*. *Phytochemistry* **67**, 191-201.
- 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 tellurolanthionine, L-seleno- and tellurocystine and derivatives. *Tetrahedron Lett.* **47**, 1019-1021.

- Selent, J., Brandt, W., Pamperin, D. & Gober, 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. *Bioorganic & Med. Chem.* **14**, 1729-1736.
- Sontag, B., R uth, M., Spiteller, P., Arnold, N., Steglich, W., Reichert, M. & Bringmann, G. Chromogenic meroterpenoids from the mushrooms *Russula ochroleuca* and *R. viscida*. *Eur. J. Org. Chem.* 1023-1033.
- Stehle, F., Brandt, W., Milkowski, C. & Strack, D. Structure determinants and substrate recognition of serine carboxypeptidase-like acyltransferases from plant secondary metabolism. *FEBS Lett.* **580**, 6366-6374.
- Tchinda, A. T., Teshome, A., Dagne, E., Arnold, N. & Wessjohann, L. A. Squalene and amentoflavone from *Antidesma laciniatum*. *Bull. Chem. Soc. Ethiopia* **20**, 325-328.
- Thuy, T. T., Franke, K., Porzel, A. Wessjohann, L.A. & Sung, T.V. Quaternary protoberberine alkaloids from *Stephania rotunda*. *J. Chem. Vietnam VAST (Tap Chi Hoa Hoc)* **44**, 259-264.
- Thuy, T. T., Sung, T. V., Franke, K. & Wessjohann, L.A. Benzylisoquinoline and tetrahydroprotoberberine alkaloids from *Stephania rotunda* Lour. *J. Chem. Vietnam VAST (Tap Chi Hoa Hoc)* **44**, 372-376.
- Thuy, T. T., Sung, T. V., Franke, K. & Wessjohann, L.A. Morphinane and oxoaporphine alkaloids from *Stephania rotunda* Lour. *J. Chem. Vietnam VAST (Tap Chi Hoa Hoc)* **44**, 110-114.
- Vetter, C., Wagner, C., Schmidt, J. & Steinborn, D. Synthesis and characterisation of platinum (IV) complexes with N, S and S,S heterocyclic ligands. *Inorgan. Chim. Acta* **359**, 4326-4334.
- Wessjohann, L. A., Fulhorst, M. & Zakharova, S. Synthesis of mechanistic probes and inhibitors for prenylating enzymes. *Polish J. Chem.* **80**, 673-678.
- Wessjohann, L. A., Rivera, D. G. & Coll, F. Synthesis of steroid-biaryl ether hybrid macrocycles with high skeletal and side chain variability by multiple multi-component macrocyclization including bifunctional building blocks. *J. Org. Chem.* **71**, 7521-7526.
- Wilhelm, H. & Wessjohann, L.A. An efficient synthesis of the phytoestrogen 8-prenylnaringenin from xanthohumol by a novel demethylation process. *Tetrahedron* **62**, 6961-6966.
- Wolfram, K. & Hinneburg, A. Similarity search for multi-dimensional NMR spectra of natural products. *Knowledge Discovery in Databases: PKDD 2006. Proceeding Lecture Notes in Artificial Intelligence.* **4213**, 650-658.
- Yu, C. K. Y., Lam, C. N. W., Springob, K., Schmidt, J., Chu, I. K. & Lo, C. Constitutive accumulation of cis-piceid in transgenic Arabidopsis overexpressing a Sorghum stilbene synthase gene. *Plant Cell Physiol.* **47**, 1017-1021.
- Zanatta, N., Schneider, J. M. F. M., Schneider, P. H., Wouters, A. D., Bonaccorso, H. G., Martins, M. A. P. & Wessjohann, L. A. Regiospecific synthesis of 4-alkoxy and 4-amino substituted 2-trifluoromethyl pyrroles. *J. Org. Chem.* **71**, 6996-6998.

#### B CHER UND BUCHKAPITEL

Nuhn, P. & Wessjohann, L. A. Naturstoffchemie - Mikrobielle, pflanzliche und tierische Naturstoffe. S.Hirzel Verlag, Stuttgart, 4. Auflage. ISBN-10: 3-7776-1363-0 und ISBN-13: 978-3-7776-1363-5.



## 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. Darüber hinaus spielen auch posttranskriptionelle Reaktionen eine wichtige Rolle. 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 (Basal- oder Nichtwirts-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. Fehlen diese komplementären Genpaare, unterdrückt das Pathogen die basale Resistenzreaktion der Pflanze und es kommt zur Krankheitsentwicklung. Mehrere Arbeitsgruppen der Abteilung untersuchen Erkennungs-, Signaltransduktions- und Genaktivierungsprozesse, die bei der Wechselwirkung von Pflanzen und Pathogenen eine Rolle spielen.

Unter den abiotischen Umweltfaktoren wurden schwerpunktmäßig Metalle in ihrem Einfluss auf die pflanzliche Entwicklung untersucht. Die Arbeitsgruppe *Metallhomöostase* studierte am Beispiel einer Metall akkumulierenden Modellpflanze die Struktur und Funktion von Genen, die für die Toleranz dieser Pflanze gegenüber ansonsten toxischen Metallkonzentrationen verantwortlich sind. Der Leiter dieser Arbeitsgruppe, Dr. Stephan Clemens, hat eine Professur für Pflanzenphysiologie in Bayreuth übernommen und führt dieses Projekt dort weiter.

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-Profilung erforderte 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

Der Pilz *Rhynchosporium secalis*, Erreger einer Blattfleckenkrankheit in verschiedenen Gräsern, ist insbesondere als Gerstenpathogen weltweit von ökonomischer Bedeutung. Er ist durch eine ungewöhnliche Entwicklung in der Wirtspflanze charakterisiert, denn das Hyphenwachstum ist auf den Bereich zwischen Blatt-Cuticula und Epidermiszellen beschränkt, wobei die Epidermiszellwände nicht signifikant geschädigt werden. Dies bedeutet, dass jede Kommunikation zwischen Pilz und Pflanze auf Distanz-Faktoren beruhen muss, die durch die pflanzlichen Zellwände diffundieren. Ziel der Arbeiten ist die Identifizierung von Signal- und Effektorproteinen des Pilzes und ihren pflanzlichen Zielmolekülen, um Einblick in die Vorgänge zu erlangen, die für eine erfolgreiche Besiedlung der Pflanze durch den Pilz bzw. die Abwehr des Pilzes durch die Pflanze verantwortlich sind.

### MITABREITER

**Dr. Jolly Basak**  
Postdoktorandin

**Barbara Degner**  
Technische Assistentin

**Andreas Kirsten**  
Diplomand

**Susanne Kirsten**  
Technische Assistentin

**Claudia Mönchmeier**  
Doktorandin

**Sylvia Siersleben**  
Doktorandin

**Ronny Völz**  
Diplomand

**Stefanie Wetzel**  
Doktorandin

Zur Identifizierung von Pilzgenen, deren Produkte eine Rolle in unterschiedlichen für die Pathogenese relevanten Prozessen spielen könnten, werden zwei verschiedene Ansätze verfolgt. Zum einen führten Mutagenese-Strategien (Insertionsmutagenese, Promotor-Trapping) zur Identifizierung einiger Pathogenitätsgene. Zwei dieser Gene, die einen mutmaßlichen Transkriptionsfaktor bzw. eine Intramembranprotease vom Rhomboid-Typ kodieren, werden derzeit näher untersucht. Zum anderen wurde ein bakterielles System etabliert, mit dessen Hilfe Gene identifiziert werden können, die Proteine mit sekretorischen Signalsequenzen kodieren. Denn Proteine, die vom Pilz *in planta* sezerniert werden, können als Kandidaten mit möglicher Bedeutung für die Interaktion betrachtet werden.

Am Beginn jeder funktionellen Analyse der identifizierten Gene steht ihr gezieltes Ausschalten im Pilz durch homologe Rekombination und die anschließende phänotypische Charakterisierung der erhaltenen *Loss-of-function*-Mutanten. Hierzu wird *R. secalis* mit Hilfe von *Agrobacterium tumefaciens* mit Konstrukten transformiert, die einen Austausch des Wildtyp-

Gens durch ein selektives Markergen (Antibiotikum-Resistenz) ermöglichen. Zu diesem Zweck wurden neue binäre Vektoren entwickelt, die nicht nur die Konstruktion geeigneter T-DNAs vereinfachen, sondern auch die auf GFP-Fluoreszenz basierende Identifizierung homologer Rekombinanten erleichtern. Darüber hinaus wurde ein Vektor etabliert, der eine negative Thymidin-Kinase-Selektion homologer Rekombinanten erlaubt.

Auf Pflanzenseite geht die Entwicklung sowohl von Resistenz als auch von Suszeptibilität mit Veränderungen im Genexpressions- und Proteinstrom einher. Vergleichende Transkriptom- und Proteom-Analysen sollen daher Aufschluss über den Einfluss der identifizierten Pilzgene und ihrer Produkte auf den Pathogeneseverlauf geben. Zur breiteren Fundierung der Interpretationen werden auch die Resistenzreaktion der mit Gerste nahe verwandten Nichtwirtspflanze Weizen nach Befall mit *R. secalis* und in einem Kooperationsprojekt die Suszeptibilitätsreaktion der Gerste nach Befall mit einem biotrophen Pilz, *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, untersucht.



## AG ZELLULÄRE SIGNALTRANSDUKTION

Leiter: Dierk Scheel & Justin Lee

Die Forschung dieser Arbeitsgruppe konzentriert sich auf pflanzliche Signaltransduktionswege in Pflanze-Pathogen-Interaktionen vom Nichtwirts- und Gen-für-Gen-Typ. Dabei werden Pathogen-assoziierte molekulare Muster (PAMPs, generelle Elicitoren) beziehungsweise Effektorproteine von pflanzlichen Rezeptoren erkannt, welche vernetzte Signaltransduktionswege initiieren und komplexe Abwehrreaktionen aktivieren. Die Signaltransduktion beinhaltet unter anderem die Veränderung von Ionenflüssen durch die Plasmamembran, die Aktivierung von Mitogen-aktivierten Proteinkinase-(MAPK)-Kaskaden und die Akkumulation von Signalmolekülen wie reaktiven Sauerstoffspezies, Phospholipiden und Hormonen. Darüber hinaus wird in dieser Arbeitsgruppe die Infektionsstrategie der parasitären Pflanze *Cuscuta reflexa* auf *Arabidopsis thaliana* studiert.

Untersuchungen mit Hilfe des Calcium-sensitiven Reporterproteins Aequorin an transgenen Pflanzen und Patch-Clamp-Analysen zeigten, dass transiente Veränderungen der cytosolischen Calciumkonzentration zentrale Elemente der PAMP-vermittelten zellulären Signaltransduktion darstellen, die essentiell für alle anderen untersuchten Vorgänge sind. Die Calcium-Ionen können sowohl aus dem Apoplasten einströmen als auch aus intrazellulären Speichern freigesetzt werden. Kurusu et al. (Plant J. 42, 798-809, 2005) beschrieben, dass der angeblich in der Plasmamembran lokalisierte Zwei-Poren-Kanal TPC1 in Reis für den Elicitor-stimulierten Calcium-Einstrom verantwortlich sei. Umfangreiche Analysen mit TPC1-Insertions- und Überexpressionslinien betätigten dieses Konzept zumindest für *Arabidopsis thaliana* nicht. Vielmehr ist dieser im Tonoplasten lokalisierte Kanal weder an der Reaktion auf verschiedene Elicitoren, noch an anderen Calcium-vermittelten Prozessen beteiligt.

Die Untersuchung der Signalspezifität von MAPK-Kaskaden wurde fortgesetzt. Die Existenz von MAPK-Proteinkomplexen konnte mittels Gelfiltrationschromatographie demonstriert werden. Es wurden mehrere transgene Arabidopsis-Linien mit Tandem-Affinitäts-getagten Konstrukten Elicitor-responsiver MAPKs erzeugt, mit deren Hilfe die Isolation dieser Komplexe erfolgt. Die Funktionalität Tandem-Affinitäts-getagter MAPKs wurde einerseits durch Phänotypkomplementation der zwerg-

wüchsigen *mpk4*-Mutante und andererseits durch die Elicitor-Responsivität getagter Proteine nachgewiesen. Darüber hinaus wurden Hefe-zwei-Hybrid- und Proteinarray-basierte Screens auf MAPK-interagierende Proteine durchgeführt. Mittels der Fluoreszenz-Resonanz-Energie-Transfer-Technik (FRET) wird die Wechselwirkung zwischen MAPK-Kaskadenelementen und den Kandidatenproteinen *in vivo* bestätigt. So konnte gezeigt werden, dass AtMAPK6 mit einem Transkriptionsfaktor der Ethylen-Response-Faktor-Familie (ERF) in eine Wechselwirkung tritt, die durch Behandlung der Protoplasten mit dem Elicitor *flg22* aufgelöst wird.

In einem auf zweidimensionaler Polyacrylamid-Gelelektrophorese und MALDI-TOF-Massenspektrometrie basierenden Proteomics-Ansatz werden Veränderungen in Proteinmustern während der systemisch aktivierten Resistenz und in Gen-für-Gen-Resistenzsystemen in Arabidopsis untersucht.

Der pflanzliche Parasit *Cuscuta reflexa* infiziert *Arabidopsis thaliana*, stellt dabei funktionale Verbindungen zwischen den vaskulären Systemen von Wirt und Parasit her und entzieht dem Wirt auf diese Weise Nährstoffe. In einer Kollektion von etwa 50 Arabidopsis-Ökotypen, die wahrscheinlich den gesamten Diversitätsbereich der Spezies repräsentieren, wurde kein veränderter Infektionsphänotyp detektiert.

### MITARBEITER

**Gerit Bethke**  
Doktorandin

**Mandy Birschwilks**  
Postdoktorandin

**Stefan Bornschein**  
Diplomand

**Jutta Elster**  
Technische Assistentin

**Franziska Handmann**  
Doktorandin

**Jan Heise**  
Postdoktorand

**Sylvia Krüger**  
Technische Assistentin

**Marlen Mrotzek**  
Diplomandin

**Kai Naumann**  
Postdoktorand

**Stefanie Ranf**  
Doktorandin

**Christel Rülke**  
Technische Assistentin

**Dirk Schenke**  
Postdoktorand

**Rita Schlichting**  
Doktorandin

**Claudia Spielau**  
Doktorandin

**Nicole Staroske**  
Doktorandin

**Esther van der Zalm**  
Postdoktorandin

**Tino Unthan**  
Doktorand

**Ivy Widjaja**  
Doktorandin

### MITABREITER

**Simone Altmann**  
Doktorand

**Lennart Eschen-Lippold**  
Doktorand

**Vincentius A. Halim**  
Doktorand

**Anja Kurth**  
Diplomandin

**Gabi Reichenbach**  
Diplomandin

**Jenny Teutschbein**  
Diplomandin

**Annett Weichert**  
Diplomandin

**Ralf Weigel**  
Postdoktorand

**Angelika Weinle**  
Technische Assistentin

**Lore Westphal**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

Die Kraut- und Knollenfäule, die durch den Oomyceten *Phytophthora infestans* hervorgerufen wird, ist die wirtschaftlich wichtigste Krankheit der Kartoffel. Interessanterweise ist die Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* in der Lage, Infektionen mit *P. infestans* erfolgreich abzuwehren. Die Arbeitsgruppe untersucht die Interaktion von *P. infestans* sowohl mit der Wirtspflanze Kartoffel als auch mit der Nichtwirtspflanze *Arabidopsis*. Dabei steht die Aufklärung der Rolle von Salicylsäure und Oxylipinen für die Pathogenabwehr der Kartoffel sowie die Identifizierung von Genen, die an der Nichtwirtsresistenz von *Arabidopsis* gegen *P. infestans* beteiligt sind, im Mittelpunkt.

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. Für funktionelle Analysen wurden transgene Pflanzen hergestellt, die reduzierte Mengen an Oxylipinen des 9- und des 13-Lipoxygenasewegs enthalten. Kartoffelpflanzen, die das bakterielle *NahG*-Gen exprimieren, sind nicht in der Lage, Salicylsäure zu akkumulieren.

Der Oligopeptidelicitor Pep-13, ein *pathogen-associated molecular pattern* aus Oomyceten, induziert in Kartoffelpflanzen einen *oxidative burst*, die Akkumulation von Salicyl- und Jasmonsäure, Abwehrgenexpression und hypersensitiven Zelltod. Keine dieser Antworten findet in *NahG*-Pflanzen statt. In transgenen Pflanzen, deren Jasmonsäurebiosynthese heruntergeschaltet ist, akkumuliert zwar noch Salicylsäure, die anderen Abwehrantworten sind jedoch reduziert. Diese Ergebnisse lassen darauf schließen, dass Pep-13 eine Signaltransduktionskette aktiviert, die sowohl Salicylsäure als auch Jasmonsäure benötigt.

Produkte des 9-Lipoxygenase-Wegs akkumulieren in Kartoffel nach Pathogenbefall. *In vitro* lässt sich eine antimikrobielle Wirkung zeigen. Transgene Pflanzen mit reduzierten Mengen an diesen Substanzen sind jedoch nicht suszeptibler gegenüber *P. infestans*. Zurzeit wird untersucht, ob Oxylipine des 9-Lipoxygenasewegs für die Rasse-Sorten-spezifische Resistenz eine Rolle spielen.

Die Untersuchung der Interaktion zwischen *A. thaliana* und *P. infestans* soll 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 Liefert (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 Nichtwirts-Resistenz 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.

Das Protein NPR1 ist ein zentraler Regulator in der Signaltransduktion zur systemisch aktivierten Resistenz, die *A. thaliana* eine Art Immunität gegen Sekundärfektionen verleiht. NPR1 dient dabei als Vermittler zwischen dem Signalmolekül Salicylsäure und der Salicylsäure-induzierten Expression der *pathogenesis-related*- (*PR*-) Gene, indem es mit einer Gruppe von basischen Leucin-Zipper-Transkriptionsfaktoren, den TGA-Faktoren, interagiert. Diese binden ihrerseits Salicylsäure-abhängig an Promotorelemente der *PR*-Gene.

Interaktionspartner von NPR1 sind auch die NIMIN-Proteine, die im ternären Komplex mit NPR1 und TGA-Faktoren an ein *cis*-Element des *PR-1*-Promotors binden können. Untersuchungen an 35S:*NIMIN1* und *nimin1*-knockout-Pflanzen haben gezeigt, dass *NIMIN1* ein negativer Regulator der NPR1-vermittelten Geninduktion ist. Höhere *PR*-Genexpression in *nimin1*-knockout-Pflanzen korreliert jedoch nicht mit einer erhöhten Resistenz gegen biotrophe Pathogene.

hier groß,  
da klein



## 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 sollten sie die Konzentrationen nichtessentieller, toxischer Schwermetalle (z.B. Cadmium) möglichst gering halten. Dies wird erreicht durch ein Netzwerk von Transport-, Chelatierungs- und Sequestrierungsprozessen. Projekte dieser Gruppe zielen auf die molekulare Charakterisierung von Komponenten der pflanzlichen Metallhomöostase, -toleranz und -hyperakkumulation durch Untersuchungen an *Arabidopsis thaliana*, 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. Dabei dient *A. thaliana* als Referenz. Dies hat bereits zu einigen Erkenntnissen über ausgeprägte Unterschiede in der Aktivität von Metallhomöostase-Genen der beiden *Arabidopsis*-Arten geführt. Unsere derzeitigen Untersuchungen sind vor allem auf Unterschiede in der Transkriptom-Antwort auf Fe-Defizienz konzentriert. *A. halleri* ist in der Lage, selbst bei einem enormen Zn-Überschuss ausreichend Fe aufzunehmen. Wir arbeiten außerdem in Kooperationen an der methodischen Verbesserung der *Cross-species hybridization*. Basierend auf genomischen Hybridisierungen von DNA-Chips mit verschiedenen *Arabidopsis*-Arten sollen Filter und Normalisierungsverfahren etabliert werden, um die bisher geltenden Limitationen bei der Auswertung der *A. halleri*-Daten zu überwinden.

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 das Screening von *A. thaliana* fortgeführt und inzwischen 25 hypersensitive Mutanten isoliert. Die physiologische Charakterisierung der Mutanten hat gezeigt, dass Toleranzmechanismen metallspezifisch sind. Komplementationsanalysen und Kartierungsexperimente sind in vollem Gange. Ein Locus wurde identifiziert, zwei weitere sind auf < 100 Gene eingegrenzt. In einem weiteren Projekt wird die

natürliche Diversität der Metalltoleranz, -akkumulation und -verteilung in *A. thaliana* untersucht. *Recombinant Inbred Lines* wurden analysiert, um zunächst zwei der beobachteten Phänotypen molekular aufzuklären. Für einen Phänotyp ist ein Kandidaten-Gen gefunden worden, welches derzeit getestet wird.

Eine große Rolle für die Metallhomöostase spielen niedermolekulare Liganden, die Metallkationen mit hoher Affinität binden können. Wir untersuchen vor allem zwei dieser Chelatoren: Phytochelatine und Nicotianamin. Die Bildung von Phytochelatinen 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 konstitutive Expression von PCS-Genen in 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. Experimente an *A. thaliana*- und *S. pombe*-PCS-Mutanten zeigen nun, dass Phytochelatine offenbar auch wichtig sind für die Zn-Toleranz und -Akkumulation. Untersuchungen an *Neurospora crassa* als einem Modell für filamentöse Pilze haben weitere Evidenz dafür erbracht, dass Nicotianamin als intrazellulärer Ligand für Zn(II) dient.

### MITARBEITER

**Annegret Bährecke**  
Doktorandin

**Thomas Fritsche**  
Doktorand

**Marina Häußler**  
Technische Assistentin

**Daniel Peisker**  
Doktorand

**Beate Schulz**  
Diplomandin

**Pierre Tennstedt**  
Doktorand

**Alexandra Trampczynska**  
Postdoktorandin

**Michael Weber**  
Postdoktorand

### MITABREITER

**Björn Egert**  
Doktorand

**Yvonne Pöschl**  
Doktorandin

**Ralf Tautenhahn**  
Doktorand

**Als Grundlage für die datengetriebene Analyse der Massenspektrometriedaten werden relationale Datenbanken eingesetzt. Im hier entwickelten MetArchive werden die Rohdaten im Hersteller übergreifenden mzData-Standard abgelegt.**

Zu Beginn der Pipeline steht die Signalverarbeitung, die aus den Geräte-Rohdaten die relevanten Massensignale extrahiert. Hier wurde das Software-Projekt XCMS<sup>1</sup> gewählt und in verschiedenen Aspekten erweitert. Neben Verbesserungen bei der Signalverarbeitung wurde XCMS direkt an das MetArchive angebunden.

Die Massensignale werden im nächsten Schritt auf der Basis von Massendifferenzen und Peakshape-Berechnungen annotiert und übersichtlich dargestellt. Das DISOP-Paket (S. Böcker, Universität Jena) erlaubt die Berechnung der Element-Zusammensetzungen und wurde ebenfalls in die Annotation aufgenommen.

Diese Ergebnisse werden direkt in dem Data Warehouse **METHOUSE** abgelegt, und können über die komfortable Web-Oberfläche BioMart<sup>2</sup> abgefragt werden.

Für die statistische Auswertung wurde eine Reihe von Data Mining- und Clustering-Methoden an die Eigenheiten der Massenspektrometrie angepasst und mit einer gemeinsamen Schnittstelle versehen. Durch eine übersichtliche Visualisierung können Unterschiede und Gemeinsamkeiten der gemessenen Proben untersucht werden.

Die einzelnen Module wurden unter einer gemeinsamen Web-Oberfläche **METWARE** gesammelt und sowohl institutsintern als auch öffentlich installiert. Diese Trennung ist notwendig in den Fällen, in denen die verfügbaren Daten (noch) nicht veröffentlicht werden können. In Kontakt mit anderen Metabolomics-Arbeitsgruppen wurde die Vernetzung der Aktivitäten diskutiert. Durch die Wahl der Entwicklungsumgebung und der benutzten Softwarebibliotheken können die hier entwickelten Module mit weniger Aufwand als z.B. mit Web Services angeboten werden. Die Einbindung des MetArchive in die BioMoby<sup>3</sup> Umgebung wurde bereits prototypisch durchgeführt.

Neben den Arbeiten zur Massenspektrometrie wurden in Zusammenarbeit mit der Universität Halle erste Algorithmen zur effizienten Suche in Datenbanken mit NMR-Spektren durchgeführt und publiziert.

1 <http://metlin.scripps.edu/>

2 <http://www.biomart.org/>

3 <http://www.biomoby.org/>





## AG METABOLITE PROFILING IN ARABIDOPSIS UND NUTZPFLANZEN

Leiter: Stephan Clemens & Dierk Scheel  
in Kooperation mit Jürgen Schmidt & Ludger Wessjohann

**Pflanzen sind ständig wechselnden Bedingungen in ihrer Umwelt ausgesetzt wie z.B. Kälte, Hitze, Trockenheit, Schatten, hohen Salzkonzentrationen und Schwermetallbelastungen im Boden. Zudem treten sie in Wechselwirkung mit symbiontischen, endophytischen und pathogenen Organismen. Verschiedene methodische Ansätze sind notwendig, um qualitative und quantitative Veränderungen im Pflanzen-Metabolom unter wechselnden Umweltbedingungen zu untersuchen. Metabolomics hat sich neben Transkriptomics (mRNA-Profiling) und Proteomics (Protein-Profiling) als dritter Eckfeiler der funktionalen Genomanalyse etabliert.**

Als Metabolomics-Ansatz trat in den letzten Jahren neben der traditionellen GC-MS-basierten Profiling-Technik immer mehr die als komplementär zu betrachtende LC-MS-basierte Analytik in den Vordergrund. Als eines der ersten Labore initiierte das IPB (im Rahmen des GABI1-Projekts) eine LC-MS-Profiling-Plattform, die auf der Kombination von Kapillar-Flüssigkeitschromatographie und einem Quadrupol-Flugzeitmassen-Spektrometer mit Elektrospray-Ionenquelle beruht. Diese Plattform erlaubt nicht nur die Quantifizierung von Sekundärmetaboliten in größerem Maßstab, sondern auch die ersten Schritte zu deren struktureller Identifizierung. Im weiteren Verlauf des GABI-Programms erfolgte der kontinuierliche Aufbau von Evaluierungs- und Kontrollmechanismen des Messsystems. Hierbei wurde ein besonderes Augenmerk auf die Untersuchung von Matrixeffekten gerichtet, einer der größten Kritikpunkte des LC-MS-basierten Profiling. Es konnte gezeigt werden, dass relative Matrixeffekte vernachlässigbar sind und wiederum das relative Quantifizieren eines ungerichteten Profiling-Ansatzes nicht beeinflussen. Darüber hinaus erfolgte eine kontinuierliche Weiterentwicklung in bezug auf Daten-Deconvolution, Data-Mining-Tools und Datenbanken. Die zuvor verwendete kommerzielle Daten-Deconvolutions-Software wurde durch ein frei verfügbares Produkt (XCMS) ersetzt und ebenso wie die institutsübergreifende ACD-Datenbank durch die enge Zusammenarbeit mit der Bioinformatikgruppe des IPB auf die Bedürfnisse der Profiling-Plattform angepasst. Die entwickelten Data Mining-Tools für die ACD- und XCMS-Software werden zusätzlich zu der ACD-ESI-MS-Datenbank für die wissenschaftliche Öffentlichkeit frei zugänglich gemacht (<http://msbi.ipb-halle.de/MetWare>).

Der Schwerpunkt des Projektes wurde von *Arabidopsis thaliana* als Optimierungssystem auf

die Analyse von Kulturpflanzen gelenkt, um hier das enorme Potential des Metaboliten-Profiling zur Verbesserung von kommerziell wichtigen Pflanzensorten zu verwenden. Optimierungsarbeiten zur Saatgutanalytik wurden mit Wildtyp- und Mutanten-Linien in *Arabidopsis* durchgeführt, die eine bekannte Blockade im Flavonoid-Stoffwechsel und eine damit verbundene fehlende Pigmentierung der Samenschale aufweisen. Durch das Metaboliten-Profiling konnte nicht nur der zu erwartende Wegfall von Kämpferol und seinen Derivaten bestätigt werden, sondern auch die quantitative Zunahme von bisher in der Literatur nicht beschriebenen Substanzen. Die Übertragung des optimierten Systems auf Kulturpflanzensaatgut wurde anhand eines *Proof of concept*-Experiments mit Rapsamen überprüft. Die Expression der Thioesterase ClFatB3 von *Cuphea lanceolata* in Raps führt zur Reduktion von langkettigen Fettsäuren (Ölsäure) und zur Akkumulation von kürzerkettigen Fettsäure-Derivaten wie z.B. Palmitin. Die Ergebnisse der Raps-Profiling-Analyse zeigten, dass die in der Gruppe entwickelte Metabolomics-Plattform eine klare Abtrennung des Ursprungselters von den Transformanten-Linien erlaubt. Circa 10 % des messbaren Anteils des Metaboloms wiesen Konzentrationsveränderungen auf, von denen einige - wie erwartet - im Fettsäuremetabolismus involviert zu sein scheinen.

Um den messbaren Bereich der Primär- und Sekundärmetaboliten zu erweitern, wurde während des letzten Jahres eine GC-MS-Station etabliert. Diese wurde und wird ebenso den rigiden Evaluierungs- und Kontrollschritten der LC-MS-Plattform unterworfen und wird in Kürze die analytischen Profiling-Möglichkeiten der Gruppe erweitern.

### MITARBEITER

**Christoph Böttcher**  
Postdoktorand

**Frank Brettschneider**  
Doktorand

**Edda von Roepenack-Lahaye**  
Postdoktorand

**Michaela Winkler**  
Technische Assistentin

**PUBLIKATIONEN 2006**

- Birschwilks, M., Haupt, S., Hofius, D. & Neumann, S. Transfer of phloem-mobile substances from the host plants to the holoparasite *Cuscuta sp.* *J. Exp. Bot.* **57**, 911-921.
- Clemens, S. Evolution and function of phytochelatin synthases. *Plant Phys.* **163**, 319-332.
- Clemens, S. Toxic metal accumulation, responses to exposure and mechanisms of tolerance in plants. *Biochimie* **88**, 1707-1719.
- Consonni, C., Humphry, M.E., Hartmann, H.A., Livaja, M., Durner, J., Westphal, L., Vogel, J., Lipka, V., Kemmerling, B., Schulze-Lefert, P., Somerville, S.C. & Panstruga, R. Conserved requirement for a plant host cell protein in powdery mildew pathogenesis. *Nat. Genet.* **38**, 716-720.
- Grzam, A., Tennstedt, P., Clemens, S., Hell, R. & Meyer, A.J. Vacuolar sequestration of glutathione S-conjugates outcompetes a possible degradation of the glutathione moiety by phytochelatin synthase. *FEBS Lett.* **580**, 6384-6390.
- Halim, V.A., Vess, A., Scheel, D. & Rosahl, S. The role of salicylic acid and jasmonic acid in pathogen defence. *Plant Biol.* **8**, 307-313.
- Hamel, L.P., Nicole, M.C., Sritubtim, S., Morency, M.J., Ellis, M., Ehling, J., Beaudoin, N., Barbazuk, B., Klessig, D., Lee, J., Martin, G., Mundy, J., Ohashi, Y., Scheel, D., Sheen, J., Xing, T., Zhang, S., Seguin, A. & Ellis, B.E. Ancient signals: comparative genomics of plant MAPK and MAPKK gene families. *Trends Plant Sci.* **11**, 192-198.
- Klie, S. & Neumann, S. Storage and Processing of Mass Spectrometry Data. In: *Proc. Of 17th Int. Conference on Databases and Expert Systems*, IEEE, 211-215.
- Knogge, W. & Scheel, D. LysM receptors recognize friend and foe. *PNAS* **103**, 10829-10830.
- Pöschl, Y., Böttcher, C., Clemens, S., Scheel, D., Posch, S. & Neumann, S. Analysis of Metabolite relations in LCMS data using Bayesian Networks. In: *German Conference on Bioinformatics, Short Papers and Poster Abstracts* (Huson, D., Kohlbacher, O., Lupas, A., Nieselt, K. & Zell, A. eds.), ZBIT, 17-18.
- Qutob, D., Kemmerling, B., Brunner, F., Kufner, I., Engelhardt, S., Gust, A.A., Luberacki, B., Seitz, H.U., Stahl, D., Rauhut, T., Glawischnig, E., Schween, G., Lacombe, B., Watanabe, N., Lam, E., Schlichting, R., Scheel, D., Nau, K., Dodt, G., Hubert, D., Gijzen, M. & Nürnberger, T. Phytoxicity and innate immune responses induced by NEP1-like proteins. *Plant Cell.* **18**, 3721-3744
- Roth, U., v. Roepenack-Lahaye & Clemens, S. Proteome changes in *Arabidopsis thaliana* roots upon exposure to Cd<sup>2+</sup>. *J. Exp. Bot.* **57**, 4003-4013.
- Sarret, G., Harada, E., Choi, Y.-E., Isaure, M.-P., Geoffroy, N., Fakra, S., Marcus, M. A., Birschwilks, M., Clemens, S. & Manceau, A. Trichomes of tobacco excrete zinc as zinc-substituted calcium carbonate and other zinc-containing compound<sup>[TM]</sup>. *Plant Physiology* **141**, 1021-1034.
- Tautenhahn, R., Ihlow, A. & Seiffert, U. Adaptive feature selection for classification of microscope images. *Fuzzy Logic and Applications, 6th International Workshop, WILF 2005, Lecture Notes in Computer Science* **3849**, 215-222.
- Trampczynska, A., Böttcher, C. & Clemens, S. The transition metal chelator nicotianamine is synthesized by filamentous fungi. *FEBS Lett.* **580**, 3173-3178.
- Weber, M., Trampczynska, A. & Clemens, S. Comparative transcriptome analysis of toxic metal responses in *Arabidopsis thaliana* and the Cd<sup>2+</sup>-hypertolerant facultative metallophyte *Arabidopsis halleri*. *Plant, Cell and Environ.* **29**, 950-963.
- BÜCHER UND BUCHKAPITEL**
- 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: *Biotechnology in Agriculture and Forestry*, Vol. **57**, *Plant Metabolomics* (Saito, K., Dixon, R.A. & Willmitzer, L. eds.), Springer-Verlag, Berlin-Heidelberg, pp. 65-79.
- PUBLIKATIONEN IM DRUCK**
- Böttcher, C., v. Roepenack-Lahaye, E., Willscher, E., Scheel, D. & Clemens, S. Evaluation of matrix effects in metabolite profiling based on capillary liquid chromatography electrospray ionization quadrupole time-of-flight mass spectrometry. *Anal. Chem.* /10.1021/ac061037q.
- Eschen-Lippold, E., Rothe, G., Stumpe, M., Göbel, C., Feussner, I. & Rosahl, S. Reduction of divinyl ether-containing polyunsaturated fatty acids in transgenic potato plants. *Phytochemistry*.
- Forgan, A.H., Knogge, W. & Anderson, P.A. Asexual genetic exchange in the barley pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Phytopathology*.
- Gaida, A. & Neumann, S. MetHouse: Raw and preprocessed mass spectrometry data. *Journal of Integrative Bioinformatics*, **Vol. 3** (3).
- Ndamukong, I., Al Abdallat, A., Thurow, C., Fode, B., Zander, M., Weigel, R. & Gatz, C. SA-inducible Arabidopsis glutaredoxin interacts with TGA factors and suppresses JA-responsive PDF1.2 transcription, *Plant J.*
- Neumann, S. Beyond flat files: Data modeling, editing, archival and interchange. *Proc. 2nd Workshop on Experimental Standard Conditions of Enzyme Characterizations*.
- Tautenhahn, R., Böttcher, C. & Neumann, S. Annotation of LC/ESI-MS mass signals. *BIRD 2007 Proc. of BIRD 2007 - 1st International Conference on Bioinformatics Research and Development*.



## ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL

Leiter: Professor Dieter Strack

Sekretärin: Ildikó Birkás

Pflanzen produzieren eine unermessliche Fülle an sekundären Inhaltsstoffen, deren Evolution und Bedeutung noch weitgehend unbekannt sind. Unsere biochemischen und molekularbiologischen Untersuchungen des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels sollen Beiträge zur Aufklärung der molekularen Regulationsmechanismen, der Evolution und der Rolle dieses Stoffwechselbereiches in biotischen Interaktionen leisten. Dabei liegt der Fokus auf Phenylpropanoiden und Isoprenoiden. 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, insbesondere Malat- und Cholin-Hydroxyzimtsäure (HCA)-Transferasen und verschiedene HCA-Glucosyltransferasen aus Arabidopsis und Raps (*AG Phenylpropanstoffwechsel*) und Methyltransferasen aus dem Eiskraut und Arabidopsis (*AG Metabolite Profiling & Proteinbiochemie*). Wesentliche Ziele dieser Arbeiten sind die Ermittlung der Struktur-Funktionsbeziehungen der Enzyme und die Aufklärung des evolutionären Ursprungs der kodierenden Gene. HCA-Transferasen, die  $\alpha$ -Acetalester als Acyldonatoren akzeptieren, konnten als Serin-Carboxypeptidase-ähnliche (SCPL) Acyltransferasen klassifiziert werden. In Arbeiten über eine Chlorogensäure-abhängige Kaffeoylesterase konnte eine Ableitung von Lipasen ermittelt 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 (*AG 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. Die *AG Metabolite Profiling & Proteinbiochemie* untersucht parallel Veränderungen der Metaboliten- und Enzymmuster der transformierten Pflanzen.

Weitere Arbeiten zielen auf die Aufklärung metabolischer Veränderungen und der Rolle pflanzlicher Sekundärstoffe in Interaktionen der Pflanze mit ihrer Umwelt. In der *AG Zellbiologie der Mykorrhiza* wird die Rolle von Phytohormonen (Jasmonate) und Veränderungen cytologischer Strukturen, insbesondere der Plastiden, in mutualistisch-symbiotischen Wurzel-Pilz-Interaktionen arbuskulärer Mykorrhizen untersucht. Die *AG Molekulare Physiologie der Mykorrhiza* untersucht die Biosynthese (differenzielle Genexpression) und den Abbau von Carotinoiden in mykorrhizierten Wurzeln sowie die Physiologie der akkumulierenden Apocarotinoide. Diese Arbeiten werden verstärkt durch umfassende Analysen der Veränderungen von Primär- und Sekundärstoffmustern. Ziel dieser Untersuchungen ist die Aufklärung der molekularen Interaktionen, welche die Entwicklung und die erfolgreiche Etablierung der arbuskulären Mykorrhiza steuern.

### 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

**Jenny Teutschbein**  
Doktorandin

**Sylvia Vetter**  
Technische Assistentin

Im Mittelpunkt unserer Arbeiten steht der Stoffwechsel der Sinapinsäureester in Brassicaceen. Mit Hilfe gentechnischer Ansätze wird versucht, die Bildung des antinutritiven Sameninhaltsstoffes Sinapoylcholin (Sinapin) in Rapsamen (*Brassica napus*) zu minimieren. Das führt zur Identifizierung von *target*-Genen für die Züchtung von Niedrig-Sinapin-Raps. In *Arabidopsis* wird der Einfluss von Sinapinsäure-Glucosyltransferasen auf den Phenylpropanstoffwechsel und die Physiologie der Pflanze analysiert. Molekulare Mechanismen der funktionellen Adaptation von Enzymen werden am Beispiel von Acyltransferasen des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels erarbeitet, die zu Hydrolasen des Primärstoffwechsels homolog sind.

Durch samenspezifische Suppression konnte gezeigt werden, dass in *B. napus* die Expression des Gens für die UDP-Glucose:Sinapinsäure-Glucosyltransferase (*BnSGT1*, *UGT84A9*) entscheidend für die Biosynthese diverser Sinapinsäure-Ester ist. Um Voraussetzungen für eine züchterische Bearbeitung des Merkmals Sinapingehalt zu schaffen, wurde die Genomorganisation von *B. napus* hinsichtlich der *BnSGT*-Gene analysiert. Durch Screening einer genomischen BAC-Bibliothek von *B. napus* und vergleichende Southern-Blot-Analysen konnten vier *BnSGT*-Gene im Genom der Winterrapssorte *Express* charakterisiert werden. Für das *BnSCT*-Gen, das die Sinapoylglucose:Cholin-Sinapoyltransferase (Sinapinsynthase) kodiert, wurden zwei Allele im Genom von *B. napus* identifiziert. Aus der Population transgener Rapspflanzen, die ein dsRNAi-Konstrukt zur simultanen samenspezifischen Suppression der Gene *BnSGT1* und *BnSCT1* tragen, wurden durch Southern-Blot-Analysen und Segregationsexperimente drei homozygote Linien mit Einzelkopie-Insertion und Niedrig-Sinapin-Phänotyp selektiert. Die Analyse von transgenen Rapspflanzen mit einem samenspezifischen Suppressionskonstrukt für die Phenylalanin-Ammoniak-Lyase (PAL) führte zur Identifizierung von weiteren Linien mit deutlich verringertem Sinapingehalt.

In *Arabidopsis* konnte die Expression des SGT-Gens mittels Promotor-GUS-Fusionen visualisiert werden. In ungestressten Pflanzen wurde die stärkste Expression im Hypocotyl von drei Tage alten Keimpflanzen detektiert. Durch UV-Stress wurde die SGT-Expression in den Rosettenblättern im Bereich der Blattstiele induziert.

Für Lokalisationsstudien wurden SGT-spezifische Peptidantikörper eingesetzt.

Die Arbeiten zur molekularen Charakterisierung von Hydrolase-verwandten Acyltransferasen wurden um Untersuchungen der Chlorogensäure:Glucarsäure-Caffeoyltransferase (CGT) aus Tomate erweitert. Peptidsequenzen des gereinigten Proteins zeigen Homologien zu Lipasen. Durch PCR mit degenerierten Primern und RACE-Techniken konnte eine vollständige cDNA aus Tomate kloniert werden. Von der Serincarboxypeptidase-ähnlichen (SCPL-) Acyltransferase Sinapoylglucose:Malat-Sinapoyltransferase (SMT) aus *Arabidopsis* wurden aus einer Hefekultur erstmals etwa fünf Milligramm funktionelles Protein gewonnen. Dies ermöglicht detaillierte kinetische Untersuchungen zur Bestimmung des Reaktionsmechanismus. Arbeiten zur Strukturmodellierung der SMT führten zu einer Modellstruktur, die potenziell funktionelle Bereiche definiert wie das Wasserstoffbrücken-Netzwerk zur Substraterkennung, das oxyanion hole zur Stabilisierung des Übergangszustandes und die katalytische Triade aus Serin-, Histidin- und Aspartatresten. Durch ortsgerichtete Mutagenese konnte die Bedeutung einzelner Aminosäureseitenketten für die Funktion des Enzyms bestätigt werden. Für ein weiteres Enzym aus *B. napus*, die Sinapinesterase (*BnSCE*), wurde die transiente Expression in Tabak etabliert. In Untersuchungen zur Substratspezifität konnte gezeigt werden, dass das Enzym neben Sinapin und ähnlich strukturierten phenolischen Estern auch Phospholipide spaltet. Ähnliche katalytische Eigenschaften wurden ebenfalls für drei *Arabidopsis*-cDNAs mit hoher Sequenzidentität zur *BnSCE* gefunden.



## AG MOLEKULARE PHYSIOLOGIE DER MYKORRHIZA

Leiter: Michael H. Walter

**Die arbuskuläre Mykorrhiza (AM)-Symbiose mit bestimmten Bodenpilzen verschafft Pflanzen einen verbesserten Zugang zu den Mineralstoffen des Wurzelraums, insbesondere Phosphat. Ein Focus der Arbeitsgruppe ist die Aufklärung der Bedeutung und Funktion von AM-spezifisch akkumulierenden Apocarotinoiden mittels einer RNAi-vermittelten Suppression des Biosynthesegens 1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Synthase 2 (DXS2). Weitere Funktionen von DXS-Isogenen außerhalb der Mykorrhiza werden in Tomate untersucht. Ferner wird die Evolution der DXS-Gendiversifizierung in der Entwicklung der Landpflanzen bearbeitet.**

Die Carotinoidvorläufer von Apocarotinoiden (Spaltprodukte von Carotinoiden) werden aus plastiden-intern generierten Isopentenylgrund-einheiten synthetisiert, die über den Methylerythritolphosphat (MEP)-Weg bereitgestellt werden. Der erste Schritt des MEP-Wegs wird durch die 1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Synthase (DXS) katalysiert. Für diese Umsetzung existieren in den meisten Höheren Pflanzen mindestens zwei entfernt verwandte Isoformen, deren zugehörige Gene differentiell reguliert werden. Die *DXS1*-Isogen-Expression zeigt eine Spezifität für den Primärstoffwechsel, während *DXS2* in verschiedene Biosynthesen pflanzlicher Isoprenoid-Sekundärstoffe involviert ist. *DXS2*-Gene sind damit attraktive Ziele für gentechnische Ansätze zur Reduktion von sekundären Isoprenoidendprodukten, ohne dabei primäre Pflanzenfunktionen zu beeinträchtigen. Eine RNAi-vermittelte Gensuppression von *DXS2* wird genutzt, um die Apocarotinoidbiosynthese in mykorrhizierten Wurzeln von *Medicago truncatula* zu unterdrücken.

Arbuskel sind intrazelluläre bäumchenförmige Organe der AM-Pilze, über die Phosphat in die Wurzelzelle aufgenommen wird. Sie haben eine begrenzte Lebensdauer und sind nur wenige Tage im Stoffaustausch aktiv. Die ersten Ergebnisse des RNAi-Ansatzes zeigten eine Korrelation verminderter Transkriptniveaus von *MtDXS2* mit einer signifikanten Reduktion der Apocarotinoidgehalte in *M. truncatula hairy roots*, verbunden mit einem Rückgang der Gesamtanzahl von Arbuskeln nach neun Wochen Kolonisierung. Eine noch deutlichere Absen-

kung wurde für die Transkriptniveaus von *MtPT4*, einem mykorrhizaspezifisch regulierten Phosphattransportergen der Pflanze, beobachtet. *MtPT4* dient dabei als molekularer Marker für die Anzahl funktioneller Arbuskel. Weitere Versuche zeigten jedoch, dass die beobachteten Effekte vom Wachstumsstadium abhängen. Unter den Bedingungen reduzierter Apocarotinoidniveaus scheint generell eine Anhäufung älterer Arbuskelstadien aufzutreten.

Im Tomatenprojekt werden weitere differentielle Funktionen der beiden *DXS*-Isogene untersucht, insbesondere ihre Rolle in der Isoprenoidbiosynthese in Trichomen der Blätter. Transkriptniveaus des Tomaten-*DXS2*-Gens waren in isolierten Trichomen und in Blüten stark erhöht. Dagegen waren diese in reifenden Tomatenfrüchten sehr niedrig, während *DXS1*-Transkriptmengen in der Fruchtreife stark anstiegen. Mit Hilfe eines spezifischen Peptidantikörpers wird versucht, *DXS2* in den Drüsenköpfchen von Blatttrichomen zu lokalisieren.

Der Evolutionsaspekt wird u.a. im Moos *Physcomitrella patens* bearbeitet. Hier wurden zwar vier verschiedene *DXS*-Gene identifiziert, für die jedoch bisher keine differentielle Regulation gezeigt werden konnte. Dagegen ist in einem späteren Stadium der Entwicklung der Landpflanzen, auf der Ebene der Gymnospermen am System *Picea abies*, eine Aufspaltung von *DXS*-Funktionen anhand differentieller Expressionsmuster feststellbar, die Ähnlichkeiten mit der Situation in Angiospermen aufweist.

### MITARBEITER

**Daniela Floß**  
 Doktorandin

**Jessica Leuchte**  
 Doktorandin

**Kerstin Manke**  
 Technische Assistentin

**Heike Paetzold**  
 Doktorandin

### MITARBEITER

**Kirill Demchenko**  
Gastwissenschaftler/Postdoktorand

**Thomas Fester**  
Postdoktorand

**Susann Gürtler**  
Diplomandin

**Zakir Hossain**  
Postdoktorand

**Ulrike Huth**  
Technische Assistentin

**Paul Knick**  
Diplomand

**Dagmar Knöfel**  
Technische Assistentin

**Sandra Lischewski**  
Doktorandin

**Cornelia Mrosk**  
Doktorandin

**Anja Nickstadt**  
Postdoktorandin

**Sara Schaarschmidt**  
Doktorandin

**Carola Tretner**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Zellbiologische Aspekte bei Ausbildung der arbuskulären Mykorrhiza (AM) bilden den Fokus unserer Arbeiten. Die mögliche Funktion von Jasmonsäure (JA) in dieser Symbiose soll mittels reverser Genetik analysiert werden. Außerdem wird der Einfluss eines transgen veränderten Kohlenhydratstatus auf die Mykorrhizierung untersucht. Weitere Analysen betreffen die Proliferation der Plastiden während der AM. In einem neuen Projekt wird die Rolle von Jasmonaten bei der Ausbildung von Adventivwurzeln in der Stecklingsvermehrung von Petunie untersucht.**

Das Schlüsselenzym der JA-Biosynthese ist die Allenoxidcyclase (AOC). Die transgene Expression der cDNA dieses Enzyms (*MtAOC*) in Wurzeln von *Medicago truncatula* in antisense-Richtung führte zu Pflanzen mit einer verringerten AOC-Expression und verminderten JA-Gehalten in den Wurzeln, während eine Überexpression der *MtAOC* zu erhöhten JA-Gehalten führte. Diese Änderungen im JA-Gehalt hatten eine verringerte Mykorrhizierung der Pflanzen zur Folge. Die Analyse des Transkript-Profiles dieser Wurzeln im Vergleich zu Kontroll-Wurzeln (in Zusammenarbeit mit Helge Küster, Universität Bielefeld) zeigte Veränderungen der Transkriptakkumulation, die eine regulatorische Rolle der JA in der Mykorrhizierung nahe legen. Um weiterhin eine mögliche Funktion der JA in der Mykorrhizierung aufzuzeigen, wurden transgene mykorrhizierte Wurzeln hinsichtlich der Akkumulation von Sekundärstoffen, insbesondere von Isoflavonoiden (in Zusammenarbeit mit Willibald Schliemann, IPB Halle) untersucht.

Ein wichtiges Merkmal der AM-Symbiose ist die Versorgung des Pilzes mit Kohlenhydraten durch die Pflanze. Pflanzlichen apoplastischen Invertasen wird dabei eine regulatorische Rolle zugeschrieben. Um deren Bedeutung zu analysieren, wurden verschiedene transgene Tabaklinien genutzt, die eine apoplastisch-lokalisierte Hefe-Invertase exprimieren (Zusammenarbeit mit Uwe Sonnewald, Universität Erlangen). Die Erhöhung der Aktivität apoplastischer Invertasen in der Wurzel und eine damit einhergehende Erhöhung des Hexose-Saccharose-Verhältnisses hatten keinen Einfluss auf die Mykorrhizierung, während eine Verringerung der Hexo-

se-Versorgung des Pilzes durch die Überexpression eines Invertase-Inhibitors (Zusammenarbeit mit Thomas Roitsch, Universität Würzburg) zur Verringerung der Mykorrhizierung führte. Im Gegensatz dazu führte eine moderate Erhöhung der apoplastischen Invertaseaktivität im Spross zu einer verbesserten Mykorrhizierung, die sich mit einer veränderten Sekundärstoff- und Abscisinsäure-Akkumulation in den Wurzeln korrelieren ließ.

Beim Abbau von Arbuskeln durchlaufen die Plastiden der entsprechenden Wurzelzellen auffällige und bisher weitgehend unverstandene cytologische und biochemische Veränderungen. Nachdem die bisherigen Ansätze der eingehenden Charakterisierung dieser Veränderungen dienten, zielten neue Arbeiten auf die Analyse der Vorgänge beim Abbau von Arbuskeln. Im Mittelpunkt stand dabei die Etablierung eines Systems zur Induktion des Arbuskelabbaus, das die Analyse transkriptioneller und metabolischer Veränderungen auf Gesamtwurzelebene ermöglichen sollte.

Die Vermehrung von Zierpflanzen erfolgt meist vegetativ über Stecklinge, wobei hohe Ausfallraten zu erheblichen wirtschaftlichen Verlusten führen. Entscheidend für die Vermehrung ist die Bildung und Entwicklung von Adventivwurzeln. Um hierbei die mögliche Rolle von JA zu analysieren, wurde eine AOC-cDNA aus *Petunia hybrida* isoliert und charakterisiert. Sie soll für funktionelle Ansätze (Modulation des JA-Gehaltes durch Suppression bzw. Überexpression) zur Analyse der Adventivwurzelbildung in *P. hybrida* genutzt werden.



## AG METABOLITE PROFILING & PROTEINBIOCHEMIE

Leiter: Willibald Schliemann & Thomas Vogt

**Die Veränderungen in den Primär- und Sekundärstoffen während der Etablierung der arbuskulären Mykorrhiza im Modellsystem *Medicago truncatula*/*Glomus intraradices* wurden durch Metabolite Profiling charakterisiert, um ihre funktionelle Bedeutung für die Symbiose zu verstehen. Es wurde damit begonnen, das Metabolite Profiling auf die Analyse von Rapssamen nach RNAi von Genen des Sinapatstoffwechsels zur Reduktion des Sinapins zu übertragen und Proteomveränderungen zu charakterisieren.**

Die durch GC/TOF-MS, LC/ESI-MS und HPLC im Rahmen einer Kinetik erhaltenen Metabolitendaten der *M. truncatula*-Wurzeln ergaben durch statistische Auswertung in den unterschiedlichen Metabolitenbereichen erste interessante Einblicke. Innerhalb der polaren Primärmetabolite zeigten einige Aminosäuren (Glu, Asp, Asn) signifikant erhöhte Konzentrationen, die auf eine gesteigerte Stoffwechselaktivität der Plastiden und Mitochondrien hindeutet und durch cytologische und Transkriptanalysen gestützt wurde. Analog dazu wurde eine Erhöhung des Fettsäurestoffwechsels gefunden, die mit dem Auftreten von pilzspezifischen Fettsäuren und Mykorrhiza-induzierten Sterolen einhergeht. Im Sekundärstoffwechsel führt Mykorrhizierung zu erhöhten Gehalten einiger konstitutiver Isoflavonoide in späteren Stadien. Die Akkumulation der Mykorrhiza-spezifischen Apocarotinoide korreliert eng mit der Zunahme der Mykorrhizierung. Tyrosol, das antifungale Eigenschaften besitzt, konnte als wichtige induzierte Komponente aus Wurzelzellwänden freigesetzt werden. Hauptkomponentenanalysen und hierarchische Cluster-Analysen zeigten eine klare Trennung der Metabolitensätze der mykorrhizierten Proben von den nichtmykorrhizierten Kontrollen. Netzwerk-Analysen polarer Metabolite ergaben für die Kontrollen separate Cluster für Aminosäuren und Zucker/Polyole. Die Mykorrhiza-Symbiose verringerte die Clustertrennung und erhöhte die Zuckerclustergröße, was als eine verstärkte Interaktion beider Stoffwechselbereiche diskutiert werden kann.

Die gewebespezifische Proteomanalyse im Hinblick auf modifizierende Enzyme des Sekundärstoffwechsels gewinnt in der Arbeitsgruppe zunehmend an Bedeutung. Dabei ist die molekulare und strukturelle Analyse einzelner Vertreter der Genfamilien der O-Methyltransferasen und Glucosyltransferasen sowie ihre Gesamtheit von zentralem Interesse. Kationenabhängige Phenylpropanoid-methylierende Enzyme sind in Pro- und Eukaryonten vertreten, die Analyse ihrer Substratspezifität für vicinale Dihydroxygruppen bislang auf Pflanzen und Säuger beschränkt. Die funktionelle Expression und Charakterisierung N-terminaler Hybride pflanzlicher Enzyme (CCoAOMTs) von unterschiedlicher Spezifität zeigen, dass Positions- und Substratspezifitäten nicht nur von N-terminalen Sequenzen abhängen, sondern ein variabler C-terminaler Loop bei der Erkennung eine wichtige Rolle spielt. Knockout-Mutanten einer auf Transkriptionsebene in allen Geweben nachweisbaren CCoAOMT aus Arabidopsis zeigen keine auffälligen Veränderungen im Chemo- und Phänotyp. Dies könnte auf das Vorliegen von sieben im Columbia-Wildtyp transkriptionell aktiven Genen zurückzuführen sein. Nur eines dieser Gene wird dabei spezifisch in Blüten und/oder frühen Samenstadien exprimiert. Das entsprechende Protein wurde aktiv aus *E. coli* gewonnen, die Präferenz für Caffeoylglucose dokumentiert. Antikörpern und Real-Time PCR sollen die entwicklungsabhängige, zell- und gewebespezifische Lokalisation ermöglichen.

### MITARBEITER

**Christian Ammer**

Wissenschaftlicher Mitarbeiter

**René Geißler**

Doktorand

**Barbara Kolbe**

Technische Assistentin

**Jakub Grzegorz Kopycki**

Gastwissenschaftler

**Karina Wolfram**

Doktorandin

## PUBLIKATIONEN 2006

Delker, C., Stenzel, I., Hause, B., Miersch, O., Feussner, I. & Wasternack, C. Jasmonate biosynthesis in *Arabidopsis thaliana* – Enzymes, products, regulation. *Plant Biol.* **8**, 297-306.

Frenzel, A., Tiller, N., Hause, B. & Krajinski, F. The conserved AM-specific transcription of the secretory lectin MtLec5 is mediated by a short upstream sequence containing specific protein binding sites. *Planta* **224**, 792-800.

Isayenkova, J., Wray, V., Nimtz, M., Strack, D. & Vogt, T. Cloning and functional characterisation of two regioselective flavonoid glucosyltransferases from *Beta vulgaris*. *Phytochemistry* **67**, 1598-1612.

Kaiser, H., Richter, U., Keiner, R., Brabant, A., Hause, B. & Dräger, B. Immunolocalisation of two tropinone reductases of potato (*Solanum tuberosum* L.) in root, stolon, and tuber sprouts. *Planta* **225**, 127-137.

Lohse, S., Hause, B., Hause, G. & Fester, T. FtsZ characterization and immunolocalization in the two phases of plastid reorganization in arbuscular mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. *Plant Cell Physiol.* **47**, 1124-1134.

Schaarschmidt, S., Roitsch, T. & Hause, B. Arbuscular mycorrhiza induces gene expression of the apoplastic invertase LIN6 in tomato (*Lycopersicon esculentum*) roots. *J. Exp. Bot.* **57**, 4015-4023.

Schliemann, W., Schmidt, J., Nimtz, M., Wray, V., Fester, T. & Strack, D. Accumulation of apocarotenoids in mycorrhizal roots of *Ornithogalum umbellatum*. *Phytochemistry* **67**, 1196-1205.

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* **67**, 191-201.

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* **67**, 264-276.

Stehle, F., Brandt, W., Milkowski, C. & Strack, D. Structure determinants and substrate recognition of serine carboxypeptidase-like acyltransferases from plant secondary metabolism. *FEBS Lett.* **580**, 6366-6374.

Strack, D. & Fester, T. Isoprenoid metabolism and plastid reorganization in arbuscular mycorrhizal roots. *New Phytol.* (Tansley review) **172**, 22-34.

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.* **163**, 297-306.

Weiss, D., Baumert, A., Vogel, M. & Roos, W. Sanguinarine reductase, a key enzyme of benzophenanthridine detoxification. *Plant Cell Environ.* **29**, 291-302.

Wolfram, K. & Hinneburg, A. Similarity search for multi-dimensional NMR spectra of natural products. *Knowledge Discovery in Databases: PKDD 2006. Proceeding Lecture Notes in Artificial Intelligence.* **4213**, 650-658.

Ziegler, J., Voigtländer, S., Schmidt, J., Kramell, R., Miersch, O., Ammer, C., Gesell, A. & Kutchan, T. M. Comparative transcript and alkaloid profiling in *Papaver* species identifies a short chain dehydrogenase/reductase involved in morphine biosynthesis. *Plant J.* **48**, 177-192.

## PUBLIKATIONEN IM DRUCK

Cenzano, A., Abdala, G. & Hause, B. Cytochemical immunolocalization of allene oxide cyclase, a jasmonic acid biosynthetic enzyme, in developing potato stolons. *J. Plant Physiol.* doi:10.1016/j.jplph.2006.10.007

## BÜCHER UND BUCHKAPITEL

Hause, B., Frugier, F. & Crespi, M. Immunocytochemistry. In: *The Medicago truncatula handbook*. <http://www.noble.org/MedicagoHandbook>





## ABTEILUNG ADMINISTRATION, ZENTRALE DIENSTE UND TECHNIK

Leiter: Lothar Franzen

Sekretärin: Cindy Maksimo

Die Fertigstellung des Ersatzneubaus Zentraler Servicekomplex Haus E stand in diesem Jahr im Mittelpunkt der baulichen Aktivitäten des IPB und der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik. Unter Federführung der Projektleitung Neubau wurde im August 2005 mit der Errichtung des Gebäudekomplexes, anstelle der alten Werkstätten, Garagen und Schuppen, deren baulicher Zustand eine Sanierung nicht mehr zuließ, begonnen. Vollendet wurde das Bauwerk inklusive Zufahrtsstraßen im Dezember 2006. Der Zentrale Servicekomplex besteht aus zwei separaten Gebäuden, von denen eines die Mitarbeiter der Bereiche Bauunterhaltung, Gärtnerei und Handwerk beherbergt. Im zweiten Trakt entstanden 15 neue Laborarbeitsplätze für Gastwissenschaftler und Büros für künftige Projektleiter sowie die Mitarbeiter der Arbeitsgruppen *Bioinformatik, Grafik & Fotografie*. Die Hauptnutzfläche an Laboren, Werkstätten und Büros beträgt in beiden Gebäuden 578 Quadratmeter. Finanziert wurde das Projekt zu je 50 % vom Bund und vom Land Sachsen-Anhalt. Die Baukosten betragen knapp 2,4 Millionen Euro.



## MITARBEITER DER ABTEILUNG ADMINISTRATION

### ARBEITSGRUPPE HAUSHALT

**Leiterin: Barbara Wolf**

Maike Hildebrandt  
Gudrun Schildberg  
Kerstin Wittenberg

### PERSONALANGELEGENHEITEN

**Leiterin: Kerstin Balkenhohl**

Alexandra Burwig  
Claudia Haferung-Bornmann  
ab 01.09.2006  
Kathleen Weckerle bis 31.08.2006

### ALLGEMEINE VERWALTUNG

**Leiterin: Rosemarie Straßner**

Heide Pietsch bis 06.04.2006  
Clemens Schinke  
Elviera Schotte

### AUSZUBILDENDE ZUR BÜROKAUFFRAU

Ines Deák ab 18.12.06  
Caroline Stolzenbach ab 01.09.2006  
Kristin Weinert ab 18.12.06

### BIBLIOTHEK

**Leiterin: Andrea Piskol**

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 ELEKTROTECHNIK

**Leiter: Hans-Günter König**

Holger Bartz  
Kevin Begrow bis 01.08.2006  
Matthias Franke bis 31.12.2006  
Tibor Sari, Auszubildender ab dem 01.09.2006  
Ronald Scheller  
Marcel Volkmann, Auszubildender

### GÄRTNEREI

**Leiterin: Gewächshäuser J und K**

**Kristina Rejall**

**Leiterin: Gewächshaus N**

**Iris Rudisch**

Martina Allstädt  
Annett Grün, Auszubildende  
Christian Müller  
Philipp Plato, Auszubildender  
Steffen Rudisch  
Katja Scheming  
Sabine Vogt  
Andrea Voigt

### QUERSCHNITTSBEREICHE

Matthias Barth,  
*Kraftfahrer ab 01.02.2006*

Jürgen Gaul,  
*Kraftfahrer bis 31.01.2006*

Susanne Kubenz,  
*PR-Assistentin*

Sylvia Pieplow,  
*PR-Referentin*

Hans-Jürgen Steudte,  
*Chemikalienlager*



## STELLENPLAN DES INSTITUTES IM JAHRE 2006

ANZAHL DER MITARBEITER IM JAHRESDURCHSCHNITT	180
Anteil der Vollbeschäftigten in %	65
Anteil der Teilzeitbeschäftigten in %	35
Anzahl der Planstellen	92
Beschäftigungspositionen Haushalt	23
Über Drittmittel finanzierte Positionen (im Durchschnitt)	38
Über Hochschulwissenschaftsprogramm (HWP) finanzierte Positionen	3
Anteil der weiblichen Beschäftigten in %	60
Fluktuationsrate in %	29
Durchschnittsalter der Beschäftigten	37 Jahre
Anzahl der Gastwissenschaftler (im Durchschnitt, inkl. Stipendiaten)	34
<b>BERUFSAUSBILDUNG</b>	
im kaufmännischen Bereich	3
in der Gärtnerei	2
in der Bibliothek	1
in der Systemadministration	2
im Labor	3
<b>ERFOLGREICHE BERUFSABSCHLÜSSE IM JAHR 2006</b>	
im kaufmännischen Bereich	3
im Bereich der Systemadministration	1
Anzahl der Auszubildenden im Durchschnitt	11

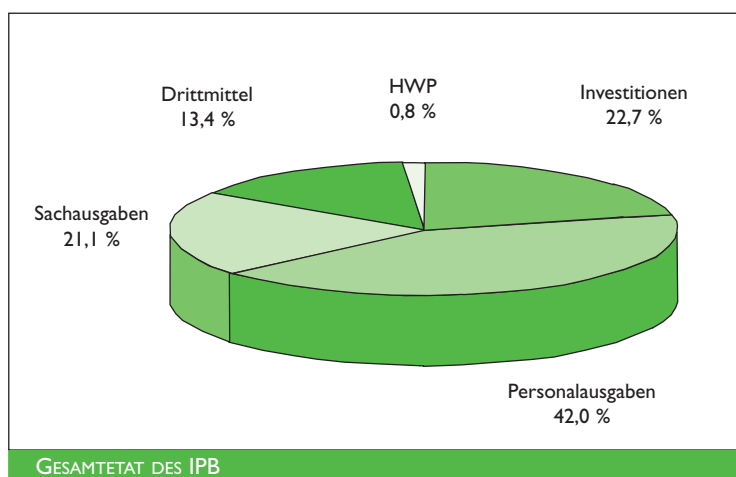
## HAUSHALTS- UND DRITTMITTEL

### Forschungsfinanzierungen auf dieser und den folgenden Seiten erfolgten durch:

<b>Bionorica</b>	Bionorica AG
<b>BMBF</b>	Bundesministerium für Bildung und Forschung
<b>BPS</b>	BASF Plant Science
<b>DAAD</b>	Deutscher Akademischer Austauschdienst
<b>DBU</b>	Deutsche Bundesstiftung Umwelt
<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>Wella</b>	Wella AG / Procter & Gamble Service GmbH

	in Mio. Euro	in %
<b>GRUNDFINANZIERUNG</b>		
Personalausgaben	5,0	42,0
Sachausgaben	2,4	20,3
Zuwendungen / Zuschüsse	0,1	0,8
Investitionen	2,7	22,7
Hochschulwissenschaftsprogramm (HWP)	0,1	0,8
<b>Zwischensumme</b>	<b>10,3</b>	
<b>DRITTMITTELFINANZIERUNG</b>		
BMBF	0,5	4,2
MK-LSA	0,0	0,0
DFG	0,9	7,6
Industrie	0,1	0,8
EU	0,1	0,8
Sonstige	0,0	0,0
<b>Zwischensumme</b>	<b>1,6</b>	
<b>GESAMTSUMME</b>	<b>11,9</b>	<b>100,0</b>

	in Mio. Euro
<b>INVESTITIONSHAUSHALT</b>	
Großgeräteinvestitionen gesamt	1,4
Bauinvestitionen gesamt	1,3
<b>SUMME</b>	<b>2,7</b>





## DRITTMITTELEINSATZ

Projekt & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Zuwendungs-/ Auftraggeber	Anteil 2006 in Euro	Bewilligte Personalstellen
<b>ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE</b>				
Molekulare Genetik in <i>Triphyophyllum pellatum</i> <i>T.M. Kutchan</i>	05/06	DFG	14.500	1
Metabolic engineering <i>S. Frick</i>	04/06	DFG	13.900	2
12-Hydroxyjasmonsäure - Tomate <i>C. Wasternack &amp; O. Miersch</i>	03/06	DFG	2.800	1
12-Hydroxyjasmonat - Arabidopsis <i>C. Wasternack &amp; O. Miersch</i>	05/08	DFG/SFB 648	92.000	2
Genexpressionsanalyse in Papaver-Species <i>J. Ziegler</i>	05/07	DFG	23.500	1
Heterodimerbildung als Regulationsmechanismus der Allenoxidcyclase in Arabidopsis <i>C. Wasternack &amp; B. Hause</i>	2006	MK-LSA/MLU	4.500	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>			<b>151.200</b>	<b>7</b>
<b>ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE</b>				
HEANTOS 2 <i>L. Wessjohann</i>	05/06	BMBF	12.700	2
MCR Ligandensynthese <i>L. Wessjohann</i>	05/06	DAAD / Probral	3.300	0
Reaktivität von Selenopeptiden <i>L. Wessjohann &amp; W. Brandt</i>	04/06	DFG	19.300	1
CERC-3 <i>L. Wessjohann</i>	04/06 06/07	DFG DFG	12.200 27.800	1
Pilzmetaboliten <i>N. Arnold &amp; J. Schmidt</i>	04/06	DFG	8.100	1
Virtuelles Screening <i>L. Wessjohann</i>	04/07	Wella	50.000	1
Benzopyrane <i>L. Wessjohann</i>	05/07	Bionorica	7.900	1
Mannich-Diversity <i>B. Westermann</i>	05/07	DFG	60.000	1
Chalkogenkatalysatoren <i>L. Wessjohann</i>	06/07	DFG	61.700	1
Prenylierende Enzyme <i>W. Brandt &amp; L. Wessjohann</i>	05/07	DFG	22.800	1

## DRITTMITTELEINSATZ

Projekt & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Zuwendungs-/ Auftraggeber	Anteil 2006 in Euro	Bewilligte Personalstellen
DBA-Acyloine <i>L. Wessjohann</i>	06/08	DBU/ Uni Greifswald	4.700	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>			<b>290.500</b>	<b>10</b>
<b>ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE</b>				
Metalhome <i>S. Clemens</i>	03/06	EU	55.000	1
Bioinformatik und Massenspektrometrie <i>D. Scheel</i>	05/07	BMBF	155.000	2
Resistenz in Kartoffeln <i>D. Scheel &amp; S. Rosahl</i>	04/06	DFG	4.300	1
Metallhomöostase <i>S. Clemens</i>	04/06	DFG	60.500	1
GABI-GENOPLANTE <i>S. Clemens</i>	04/06	BMBF	28.800	1
SARA <i>D. Scheel</i>	04/07	BMBF	62.000	1
Molekulare Kommunikation von <i>R. secalis</i> <i>W. Knogge</i>	05/08	DFG/SFB 648	36.500	1
Oxylipine bei Pathogenabwehr <i>S. Rosahl</i>	05/08	DFG/SFB 648	67.000	2
MAPK-Kaskaden in <i>A. thaliana</i> <i>D. Scheel</i>	05/08	DFG/SFB 648	84.500	2
Trascriptome and Proteome Analysis of Pathogen-Attacked Barley Epidermis <i>W. Knogge</i>	05/06	MK-LSA/MLU	12.000	0
Einfluss der Chromatinstruktur auf die Wechselwirkung von <i>A. thaliana</i> mit verschiede- nen Pathogenen <i>D. Scheel</i>	2006	MK-LSA/MLU	9.000	0
Role of MAPK(s) in female gematophyte/ embryo development <i>J. Lee</i>	2006	MK-LSA/MLU	9.000	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>			<b>583.600</b>	<b>12</b>
<b>ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL</b>				
Mykorrhizaspezifische Isoprenoide <i>M. H. Walter</i>	04/06	DFG	17.100	1
Rolle der Jasmonate bei der Ausbildung der Mykorrhiza <i>B. Hause &amp; D. Strack</i>	04/06	DFG	25.800	1



Projekt & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Zuwendungs-/ Auftraggeber	Anteil 2006 in Euro	Bewilligte Personalstellen
Mykorrhiza-spezifische Carotinoidbiosynthese <i>T. Fester</i>	04/06	DFG	19.100	1
Metabolite Profiling <i>W. Schliemann</i>	04/06	DFG	56.800	1
Phytochemistry <i>D. Strack</i>	02/07	Elsevier	19.000	1
HCA-Glucosyltransferasen <i>C. Milkowski &amp; A. Baumert</i>	05/06	DFG	3.700	1
HCA-Glucosyltransferasen <i>C. Milkowski</i>	06/08	DFG	17.900	1
SCPL-Acyltransferasen <i>C. Milkowski &amp; D. Strack</i>	05/07	DFG	30.100	1
DXS-Isoenzyme <i>M. H. Walter</i>	05/07	DFG	37.000	1
Struktur und Funktion der Sinapinesterase <i>D. Strack</i>	05/07	DFG	34.700	1
PFOMT <i>T. Vogt</i>	04/06	DFG	6.300	0
DXS-Evolution <i>M. H. Walter</i>	06/07	DFG	20.100	1
Caffeoylglucarat-Synthase <i>D. Strack &amp; B. Hause</i>	06/09	DFG	22.100	1
YelLowSin <i>D. Strack</i>	06/09	BMBF	72.000	3
Heterodimerbildung als Regulationsmechanismus der Allenoxidcyclase in Arabidopsis <i>C. Wasternack &amp; B. Hause</i>	2006	MK-LSA / MLU	4.500	0
Jasmonat, arbuskuläre Mykorrhiza, Cytoskelett <i>B. Hause</i>	2006	MK-LSA / MLU	9.800	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>			<b>396.000</b>	<b>15</b>
<b>ABTEILUNGSÜBERGREIFENDE PROJEKTE</b>				
GABI-2 <i>D. Scheel, S. Clemens, L. Wessjohann &amp; J. Schmidt</i>	04/07	BMBF	159.000	3
<b>ZWISCHENSUMME:</b>			<b>159.000</b>	<b>3</b>
<b>BEWILLIGTE PROJEKTE INSGESAMT:</b>			<b>1.580.300</b>	<b>47</b>

## FINANZIERÜBERSICHT

Forschungsfinanzierung	Anteil 2006 in Euro	Bewilligte Personalstellen
DFG/SFB	911.900	29
EU	55.000	1
BMBF	489.500	12
Industrie	57.900	2
sonstige	27.000	1
MK-LSA	39.000	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>	<b>1.580.300</b>	<b>45</b>
HWP	105.000	2
<b>GESAMTSUMME:</b>	<b>1.685.300</b>	<b>47</b>





## MITWIRKUNG DES IPB AN NATIONALEN UND INTERNATIONALEN FORSCHUNGSNETZWERKEN

### LANDESEXZELLENNETZWERK

#### SACHSEN-ANHALT

Strukturen und Mechanismen der biologischen Informationsverarbeitung

#### 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 bei Arabidopsis und Raps in Bezug auf samenspezifische Flavonoidbiosynthese, GABI-Génoplante, bilaterale Kooperation Frankreich-Deutschland

#### HEANTOS

Vietnamesische Opiat-Detoxifikation, BMBF-Projekt

#### MOLEKULARE ANALYSE

#### DER PHYTOHORMONWIRKUNG

DFG Schwerpunktprogramm 1067

#### MOLEKULARE MECHANISMEN DER

#### INFORMATIONSVARBEITUNG

#### IN PFLANZEN

Sonderforschungsbereich 648 der DFG

#### MOLMYK

Molekulare Grundlagen der Mykorrhiza-Symbiosen, 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

#### YELLOW SIN

Functional Genomics für die Entwicklung gelbsamiger Rapsorten mit niedrigem Sinapinegehalt

GABI-Kanada, bilaterale Kooperation Deutschland-Kanada

### 11. JANUAR

#### PD Dr. Anke Becker

Universität Bielefeld

Postgenome approaches to *Sinorhizobium meliloti*: a model for nitrogen-fixing endosymbiotic soil bacteria.

### 17. JANUAR

#### Dr. Ulf Mazurek

Hebräische Universität Jerusalem

Das protonierte Serin-Oktamer in der Gasphase.

### 20. JANUAR

#### Prof. Miroslav Strnad

Palacky Universität, Olomouc

Biotechnological and medicinal applications of cytokinin analogues.

### 26. JANUAR

#### Dr. Marcel Bucher

ETH Zürich

Mechanisms and interactions in plant phosphate uptake.

### 7. FEBRUAR

#### Hans Wolf Sünnemann

Georg-August-Universität Göttingen

Palladium-catalyzed coupling-sequences as diversity oriented efficient access to steroid-skeletons.

### 23. FEBRUAR

#### Prof. Michael Göttfert

TU Dresden

Regulation of nodulation and type III secretion genes in *Bradyrhizobium japonicum*.

### 2. MÄRZ

#### Prof. Kazufumi Yazaki

Universität Kyoto

Plant ABC transporter, PGP4, catalyzes auxin transport in *Arabidopsis* roots.

### 16. MÄRZ

#### Prof. Vincent Colot

INRA/CNRS, Evry

Trans-generational inheritance of epigenetic variation in *Arabidopsis*: an epigenomic perspective.

### 23. MÄRZ

#### Dr. Thomas Müller-Reichert

Max-Planck-Institut

für Zellbiologie und Genetik Dresden

Electron tomography of centriole assembly in *C. elegans*.

#### Dr. Clemens Groepel

Freie Universität Berlin

OpenMS - An open source software platform for mass spectrometry based proteomics.

### 12. APRIL

#### Olaf Schröder

Pattern Expert, Borsdorf/Leipzig

Detecting biomarkers in mass spectra with pattern recognition methods.

### 25. APRIL

#### Dr. Hanne Schönig

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

Ethnobotanisches aus dem Jemen.

### 27. APRIL

#### Prof. Harry Klee

Universität Florida, Gainesville

Synthesis and functions of plant volatile compounds. Some unexpected functions.

### 5. MAI

#### Prof. Gregory P. Copenhaver

Universität North Carolina, Chapel Hill

The power of four: exploring meiotic recombination in *Arabidopsis*.

### 9. MAI

#### Prof. Peter Imming

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

You can cure by appearances. Similarity, biomimicry, and the connection between molecular and clinical effects.

### 10. MAI

#### Prof. Hans-Günter Schmalz

Universität Köln

Übergangsmetalle in der Synthese bioaktiver Verbindungen.

### 11. MAI

#### Prof. John Mansfield

Imperial College London

Evolution of pathogenicity and virulence in *Pseudomonas syringae*: a tale of populations and papillae.

### 15. MAI

#### Dr. Hendrik Metz

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

Hallesches NMR-Seminar: EPR in der Pharmazie.

### 16. MAI

#### Prof. Sabine Flitsch

Universität Manchester

Biocatalysis on solid phase.

### 18. MAI

#### Prof. Jeff Dangl

Universität North Carolina, Chapel Hill

Molecular logic of the plant immune system.

### 19. MAI

#### Prof. Sarah Grant

Universität North Carolina, Chapel Hill

The bacterial virulence factor AvrPpiB makes plants more sensitive to ABA.

### 24. MAI

#### Prof. Edward Farmer

Universität Lausanne

Genetic approaches to study lipoxygenase regulation and oxylipin biogenesis.

### 24. MAI

#### Prof. Martin Feigel

Ruhr-Universität Bochum

Rings and knots of amino acids in peptide cavitands and steroid peptides.

### 29. MAI

#### Prof. Paul Staswick

Universität Nebraska, Lincoln

Plant hormone regulation by amino acid conjugating enzymes; jasmonate, auxins and more!

### 1. JUNI

#### Prof. Gregg A. Howe

Michigan State Universität

Regulation of plant antiherbivore defense by the jasmonate signaling pathway.

### 7. JUNI

#### Prof. Francois Buscot

Umweltforschungszentrum GmbH,

Leipzig-Halle

Exploring structural and functional diversity of soil and mycorrhizal fungi: why and how?

### 14. JUNI

#### Prof. Lukas Goößen

Technische Universität Kaiserslautern

Neue katalytische Methoden von der innovativen Synthesechemie zur "dream reaction".

### 13. JULI

#### Dr. Antonio Molina

Centro Biotecnología Genómica de Plantas, Madrid

Plant innate immunity and resistance to necrotrophic fungi: sense and defense.

### 20. JULI

#### PD Peter Dörmann

Max-Planck-Institut

für Molekulare Pflanzenphysiologie Potsdam

Biosynthesis and function of galactolipids and vitamins in chloroplasts.

#### Prof. Christiane Gatz

Georg-August-Universität Göttingen

Analysis of transcriptional control mechanisms in plant defense responses.



**Prof. Klaus D. Grasser**

Universität Aalborg  
*Architectural chromosomal proteins and transcript elongation factors.*

**Prof. Bernd Weisshaar**

Universität Bielefeld  
*Regulation of flavonol biosynthesis by MYB transcription factors.*

**21. JULI**

**Dr. Jürgen Kroymann**

Max-Planck-Institut für Chemische Ökologie Jena  
*Functional & evolutionary genomics of Arabidopsis & friends.*

**Dr. Arp Schnittger**

Universität Köln  
*Cell cycle control at the interface between development and environment.*

**PD Joachim Uhrig**

Universität Köln  
*Protein interactions networks: Functional plant proteomics and host-virus interactions.*

**Dr. Ute Krämer**

Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie Potsdam  
*Metal homeostasis: Extreme natural variation among closely related model plants in a complex functional network that is indispensable for plant biology.*

**27. JULI**

**Prof. Axel Brakhage**

Friedrich-Schiller-Universität Jena  
*Secondary metabolites as virulence determinants of the human-pathogenic fungus Aspergillus fumigatus.*

**30. AUGUST**

**Ronald Peltsch, Andreas Lenz**

tekem - Gesellschaft für Technische Kommunikation e.V., Halle  
*Übersichtliche und verständliche Präsentationen und Vorträge.*

**7. SEPTEMBER**

**Dr. Ali Masoudi-Nejad**

Universität Teheran  
*EGENES & EGAssembler New bioinformatics tools for the post-genome era.*

**Dr. Mark Helm**

Universität Heidelberg  
*Posttranscriptional modification and structural dynamics in tRNA.*

**14. SEPTEMBER**

**Prof. Steffen Abel**

Universität von Kalifornien, Davis  
*Phosphate sensing in the Arabidopsis root meristem.*

**15. SEPTEMBER**

**Prof. Brian Ellis**

Universität von British Columbia, Vancouver  
*MAP kinases and stress hormone signaling: old and new connections.*

**25. SEPTEMBER**

**Prof. Birger L. Møller**

Royal Veterinary & Agricultural University (RVAU), Kopenhagen  
*Metabolic engineering of secondary metabolites for crop improvement: Lessons learned from cyanogenic glucosides.*

**28. SEPTEMBER**

**Dr. Melisa Lim**

Carnegie Institution, Stanford  
*A role for phytochelatin synthase in resistance to fungal pathogens in Arabidopsis thaliana.*

**29. SEPTEMBER**

**Prof. Sebastian Böcker**

Friedrich-Schiller-Universität Jena  
*Decomposing metabolites: Identifying metabolites using high precision mass spectrometry.*

**4. OKTOBER**

**Prof. Maria Harrison**

Boyce Thompson Institute for Plant Research, Ithaca  
*The arbuscule mycorrhizal symbiosis: Development and function of the arbuscule/cortical cell interface.*

**19. OKTOBER**

**Dr. Christoph Peterhänsel**

Rheinisch-Westfälische TH Aachen  
*Signal integration on the chromatin level - a case study in maize.*

**24. OKTOBER**

**Prof. Christian Stark**

Freie Universität Berlin  
*Katalytische Oxidationsreaktionen zur stereoselektiven Synthese von Sauerstoffheterocyclen.*

**26. OKTOBER**

**Prof. Paul Tudzynski**

Westfälische Wilhelms-Universität Münster  
*ROS in biotrophic vs. necrotrophic host-pathogen interactions.*

**2. NOVEMBER**

**PD Ralph Hüchelhoven**

Justus-Liebig-Universität Gießen  
*Regulation of actin remodelling and cell death in the interaction of barley with powdery mildew fungi.*

**9. NOVEMBER**

**Dr. Giles Oldroyd**

John Innes Centre Norwich  
*Signalling in symbiosis.*

**14. NOVEMBER**

**Dr. Marcel Quint**

Universität von Minnesota  
*Molecular dissection of auxin response: a 'complex' story of plant development.*

**23. NOVEMBER**

**Prof. Franz Narberhaus**

Ruhr-Universität Bochum  
*Temperature sensing and membrane lipids in plant-interacting bacteria.*

**28. NOVEMBER**

**Dr. Thomas Ott**

INRA/CNRS Toulouse  
*Understanding active networks and new systems of cell-to-cell communications in higher plants mediated by proteins harbored on lipid rafts.*

**Dr. Verónica Albrecht**

ETH Zürich  
*Snowy cotyledon (sco): a mutant group affected in chloroplast development in seedlings.*

**29. NOVEMBER**

**Ulrich Weininger**

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg  
*Structure and function of a protein folding catalyzing protein.*

**14. DEZEMBER**

**Prof. Johan Memelink**

Universität Leiden  
*Transcription factor ORA47 - a regulator of jasmonate biosynthesis in Arabidopsis.*

**21. DEZEMBER**

**Prof. John A. Pickett**

Biological Chemistry Division, Harpenden  
*Potential for exploiting biotic stress signalling in plants.*

**ABTEILUNG NATURSTOFF-  
BIOTECHNOLOGIE**

**Dr. Chotima Böttcher, Thailand**  
14.03.2005 - 01.04.2006

**Maria Luisa Diaz Chávez, Mexiko**  
Promep-Stipendiatin  
01.10.2003 - 28.02.2007

**Aphacha Jindaprasert, Thailand**  
DAAD-Stipendiatin  
18.10.2004 - 31.01.2006

**Jana Kufová, Tschechien**  
06.02.2006 - 06.04.2006

**Alfonso Lara Quesada, Costa Rica**  
DAAD-Stipendiat  
01.04.2003 - 31.12.2006

**Dr. Mariko Oka, Japan**  
Tutori-Universität Japan  
04.10.2005 - 30.09.2006

**Markus Otto**  
Graduiertenprogramm  
01.10.2006 - 30.09.2008

**Khaled Sabarna, Palästina**  
01.05.2002 - 01.12.2006

**Anne Schwedt, Deutschland**  
02.01.2006 - 28.02.2006

**Prof. Meinhart Zenk, Deutschland**  
01.01.2000 - 31.03.2006

**ABTEILUNG  
NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE**

**Dr. Abdullah Awadh Ali Nasser, Yemen**  
DAAD-Stipendiat  
15.07.2006 - 01.10.2006

**Muhammad Ayaz, Pakistan**  
21.04.2006 - 31.12.2006

**Dr. Susanne Aust, Deutschland**  
Probiobdrug AG  
01.03.2003 - 31.12.2007

**Cristiano Rodrigo Bohn Rhoden, Brasilien**  
DAAD-Stipendiat  
01.10.2004 - 31.3.2007

**Dr. Carlos Boluda, Spanien**  
Stipendiat, Dr. Manuel Morales Stiftung  
01.02.2005 - 28.02.2006

**Ivana Correa Ramos Leal, Brasilien**  
CAPES-Stipendiatin  
02.06.2006 - 22.12.2006

**Viktor Dick, Deutschland**  
Stipendiat, Stifterverband Dr. Arnold Hueck Stiftung  
01.04.2004 - 31.07.2006

**Dr. Alexander Dömling, Deutschland**  
25.04.2006 - 23.06.2006

**Kanchana Dumri, Thailand**  
DAAD Leibniz-Stipendiatin  
01.03.2004 - 31.10.2007

**Otilie Eichler Vercillo, Deutschland**  
DAAD-/CNPp-Stipendiatin  
12.09.2005 - 31.01.2007

**Daniel Garcia Rivera, Kuba**  
Graduiertenkolleg  
01.10.2003 - 30.01.2007

**Gergely Gulyas, Ungarn**  
Graduiertenkolleg  
01.04.2005 - 31.01.2007

**Alexander Gutsche, Deutschland**  
01.01.2006 - 30.04.2006

**Myint Myint Khine, Myanmar**  
Daimler-Benz-Stipendiatin  
04.09.2002 - 31.03.2006

**Dr. Tilo Lübken, Deutschland**  
01.07.2006 - 01.09.2006

**Yulita Mitei, Kenia**  
DAAD-Stipendiatin  
01.04.2006 - 30.09.2006

**Fredy Leon Reyes, Kuba**  
Graduiertenkolleg  
21.04.2006 - 31.12.2006

**Marcio Weber Paixao, Brasilien**  
DAAD-Stipendiat  
04.10.2005 - 30.03.2006

**Dr. Heike Wilhelm, Deutschland**  
Stipendiatin, BioSolutions Halle GmbH, EU und Land Sachsen-Anhalt  
01.08.2003 - 30.04.2006

**ABTEILUNG  
STRESS- UND ENWICKLUNGSBIOLOGIE**

**Albor Dobon Alonso, Spanien**

01.09.2006 - 30.11.2006

**Dr. Jolly Basak, Indien**  
Stipendiatin, AvH-Stiftung  
01.08.2006 - 31.07.2007

**Annegret Bährecke, Deutschland**  
01.06.2004 - 31.05.2007

**Prof. Stephan Clemens, Deutschland**  
01.09.2006 - 30.11.2006

**Dr. Nicholas Harpham, Deutschland**  
23.06.2006 - 30.06.2007

**Dr. Ingo Hofmann, Deutschland**  
01.11.2004 - 31.12.2008

**Dr. Jens Katzek, Deutschland**  
01.11.2004 - 31.05.2007

**Dr. Dirk Schenke, Deutschland**  
Graduiertenkolleg  
16.02.2006 - 31.12.2007

**David Sondermann, Deutschland**  
01.11.2006 - 30.04.2007

**Nicole Staroske, Deutschland**  
Stipendiatin, Graduiertenprogramm  
01.04.2006 - 31.12.2007

**Dr. Aleksandra Trampczynska, Polen**  
01.10.2006 - 30.11.2006

**Stefanie Wetzel, Deutschland**  
Graduiertenprogramm  
01.01.2006 - 30.09.2006

**Dr. Michael Weber, Deutschland**  
01.10.2006 - 30.11.2006

**Dr. Esther v. d. Zalm, Niederlande**  
Graduiertenprogramm  
16.12.2005 - 31.12.2008

**ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL**

**Dr. Kirill N. Demchenko, Russland**  
DFG-Stipendiat  
24.04.2006 - 30.06.2006

**Dr. Zakir Hossain, Bangladesch**  
Humboldt-Stipendiat  
01.04.2006 - 31.03.2007

**Jakub Grzegorz Kopycki, Polen**  
17.01.2005 - 31.12.2007

## PRESSE- UND ÖFFENTLICHKEITSARBEIT

Leiterin: Sylvia Pieplow

Assistentin: Susanne Kubenz

Im Mittelpunkt der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit stand in diesem Jahr die Mitgestaltung, Vorbereitung und Organisation der externen Evaluierung. Darüber hinaus wurde vom Institut in den letzten zwölf Monaten besonders das Konfliktthema der Grünen Gentechnik auf allen medialen Ebenen stark kommuniziert. So erschienen zu diesem Thema nicht nur mehrere Artikel in der Presse; durch Führungen, Vorträge und Teilnahme an öffentlichen Podiumsdiskussionen und Workshops sollten Schüler, Senioren und Entscheidungsträger aus Politik und Gesellschaft für die Unverzichtbarkeit transgener Pflanzen in Wissenschaft und Wirtschaft sensibilisiert werden. Mit fünf Ausstellungen von zum Teil namhaften Künstlern gab es am IPB wieder mehrfach die Gelegenheit, den Hallensern und der Presse die hiesige Wissenschaft in einem kulturellen Rahmen zu präsentieren. Höhepunkte des Jahres waren die 5. Lange der Nacht der Wissenschaften und die Teilnahme des Institutes am Bundesweiten Tag der Offenen Tür der Chemie im September.

### WISSENSCHAFT UND GRÜNE GENTECHNIK Gäste, Führungen,

#### Vorträge und Podiumsdiskussionen

Gleich zu Beginn des Jahres, am 12. Januar 2006 diskutierte Dierk Scheel die Vor- und Nachteile der Grünen Gentechnik in einem Life-Interview für Deutschlandradio Kultur. Das Gespräch wurde anlässlich der Grünen Woche in Berlin aufgezeichnet und ausgestrahlt.

Viel Interessantes über die Forschung am IPB erfuhren die Mitarbeiter der Saaten-Union Resistenzlabor GmbH am 21. März. Präsentiert wurden vor allem die Projekte der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie. Im Rahmen von Meeting und Führung diskutierte man über künftige gemeinsame Forschungsvorhaben.

Unter dem Titel *Wirksame Gene – wie neue Pflanzen gemacht werden* sprach Dierk Scheel am 6. Mai zu den Jugendumwelttagen *Planet 2050* in Leipzig. Organisiert wurde das Forum vom Jugendbildungswerk Sachsen-Anhalt e.V.

Über Datenmengen, die man aus Pflanzen ziehen kann, referierte Steffen Neumann am 22. Juni am Institut für Informatik. Der Vortrag mit dem Titel *What the plant does – Massenspektrometrie und Bioinformatik in der Pflanzenforschung* wurde im Rahmen des 9. Industrietages der Informationstechnologie gehalten.

Anlässlich des Leibniz-Forums *Forever young – Wie plastisch sind unsere grauen Zellen?* am 3. November in der Johanniskirche in Magdeburg stellten sich neben dem Leibniz-Institut für Neurobiologie als Gastgeber auch alle weiteren vier Leibniz-Institute des Landes Sachsen-An-

halt mit eigenen Ständen vor. Das IPB präsentierte das Projekt der Antibiotikagewinnung aus heimischen Pilzen, das bei der anwesenden Prominenz aus Wissenschaft und Politik auf großes Interesse stieß. Die öffentliche Podiumsdiskussion war mit etwa 500 Gästen sehr gut besucht und wurde von den lokalen Medien mit großer Aufmerksamkeit bedacht.



Professor Jan-Hendrik Olbertz, Kultusminister des Landes Sachsen-Anhalt, Professor Ernst Theodor Rietschel, Präsident der Leibniz-Gemeinschaft und Professor Wolfgang Böhmer, Ministerpräsident des Landes Sachsen-Anhalt (v.r.n.l.) zeigten auf dem Leibniz-Forum am 3. November in Magdeburg großes Interesse am Forschungsprofil des IPB.

Etwa 60 Politiker aller Parteien des Bundes- sowie des Landtages von Sachsen-Anhalt informierten sich am 24. November über aktuelle Forschungsprojekte des IPB. Dabei stand besonders die Grüne Gentechnik und ihre Bedeutung für die Wissenschaft im Fokus der Diskussionen zwischen Sylvia Pieplow und den politischen Entscheidungsträgern. Die drei Führungen durch das Institut waren Bestandteil einer Besichtigung mehrerer Forschungseinrichtungen auf dem Campus. Die Bildungsveranstaltung anlässlich des John Desmond Bernal-Tages wurde von der Rosa-Luxemburg-Stiftung, der Linkspartei.PDS-Fraktion im Landtag und des Vereins zur Förderung von Kultur, Wissenschaft und politischer Bildung in Sachsen-Anhalt e.V. organisiert. Sie rangierte in diesem Jahr unter dem Titel: *Gentechnologie - Top oder Flop*.

## PROJEKTE DER PRESSE- UND ÖFFENTLICHKEITSARBEIT

Erneut um Grüne Gentechnik ging es auf einer Podiumsdiskussion des Alternativen Vorlesungsverzeichnisses des Studierendenrates der Martin-Luther-Universität. Auf der Seite der Befürworter sprach Dierk Scheel am 11. Dezember im Cafe der Theatre in Halle vor einem sehr interessierten Publikum.

### KONTAKT ZU SCHÜLERN UND SENIOREN

Wie bereits in den vergangenen Jahren pflegte das IPB einen intensiven Kontakt zu Hallenser Schulen. Die jüngsten Interessenten, Schüler der ersten und zweiten Klasse der Neumarktschule erfuhren von Christian Müller viel Wissenswertes über die Entstehung von Humus und Kartoffeln.



Girlsday am IPB.

Neben Führungen und Vorträgen zur Grünen Gentechnik u.a. für Schüler des Cantor- und des Elisabethgymnasium organisierten wir auch in diesem Jahr wieder einen Girlsday am Institut, diesmal für Schülerinnen der 7. Klasse des Wettiner Burggymnasiums.

Über den Weg einer akademischen Laufbahn mit Abschluss als Diplombiologe oder -biochemiker informierte Michael

H. Walter am 18. November auf der Berufsbörse am Elisabethgymnasium.

Interessenten mit bereits abgeschlossenen Berufswünschen gaben uns am 19. Oktober die

Ehre. Etwa 40 Mitglieder der hiesigen Seniorenakademie lauschten zunächst dem Vortrag von Sabine Rosahl und ließen sich dann von Sylvia Pieplow die Labore und Gewächshäuser zeigen.

### EVENTS UND VERANSTALTUNGEN

#### Lange Nacht der Wissenschaften

Etwa 300 Gäste besuchten unser Institut zur 5. Langen Nacht der Wissenschaften am 14. Juli. Neben den üblichen Führungen und Experimenten im Foyer gab es

wieder zwei gut besuchte Vorträge: Während Stephan Clemens erneut über *Chancen und Risiken der Grünen Gentechnik* sprach, referierte Andrea Porzel über *Chiralität – rechts und links in Natur, Technik und Kunst*. Besonderer visueller Lekturbissen waren in diesem Jahr unsere graziösen Momentaufnahmen von eigenen Forschungsprojekten. Unter dem Motto *IPB in voller Blüte* zeigte das Institut Fotos von Pflanzen, Blättern und mikroskopischen Gewebeschnitten, die - oft als bezaubernde Nebenprodukte - aus dem Streben eines jeden Forschers, sich ein Bild zu machen, erwachsen.



**Lange Nacht der Wissenschaft**  
Andrea Porzel erklärt den Unterschied zwischen links- und rechtsdrehenden Molekülen.



**Lange Nacht der Wissenschaft**  
Führung durchs Gewächshaus.

#### Schautag der Chemie

Zum Bundesweiten Tag der Offenen Tür der Chemie am 23. September hatte auch das IPB seine Pforten geöffnet, um alle Interessenten besonders in die chemischen Forschungsprojekte unseres Institutes einzuweihen. Für die etwa 100 Gäste bestand die Möglichkeit, unsere Chemielabore der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie kennenzulernen und sich anhand von Broschüren und Informationsmaterial über Berufe und Ausbildungsmöglichkeiten in der Chemischen Industrie zu informieren. Kleine Experimente im Foyer sowie mehrfach gehaltene Vorträge zum Institut und zur Medikamentenherstellung trugen sehr zum Gelingen der Veranstaltung bei.



**Lange Nacht der Wissenschaft**  
Ester van der Zalm redet über transgene Pflanzen.

### KUNST AM IPB

Mit mehreren Kunstausstellungen von namhaften und weniger bekannten Künstlern zog das Institut auch in diesem Jahr wieder die Aufmerksamkeit vieler Hallenser auf sich.

*Spuren ins Einerlei* setzte Alexandra Fröb gleich zu Beginn des Jahres. Die Werke der Hallenser Autodidaktin entführten sehr farbig, sehr bizarr und wie im Traum in ein Reich jenseits des Verstandes. Die erstaunlichen Gemälde der gelernten Landschaftsplanerin in Acryl und Pastell konnten bis Ende Februar am Institut besichtigt werden.

Vielfältige Themen von im Dschungel assimilierten Chamäleons bis hin zu farbintensiven Landschaften zeigte die Ausstellung *Betrachtungen* von Beate Gödecke. Die Acrylbilder der Sozialpädagogin und Kunsttherapeutin waren von Mitte März bis Ende April am Institut zu sehen.

Mit seinen *mediterranen Impressionen* bewies Eckart Haupt, Soloflötist der Staatskapelle Dresden, dass er auch mit Pinsel und Feder vir-

tuos umgehen kann. Seine Tuschezeichnungen und Aquarelle von beeindruckend leichter und präziser Strichführung veredelten von Mitte Mai bis Ende Juni unsere Flure und Foyers.

*Stadtansichten* von Iris Band waren von Mitte Oktober bis Ende November am IPB zu sehen. Die renommierte Hallenser Künstlerin präsentierte ihre urbanen Portraits in dem ihr eigenen Stil: schnittmusterartig, aus der Vogelperspektive, experimentierfreudig im Hintergrund - ein detailreicher Bildteppich mit fließenden Übergängen zwischen Grafik und Malerei.

Urlaubsstimmung verbreitete zum Jahresende Gert Edler mit seinen Kretabildern. Seine lebensfrohen Streifzüge über die Mittelmeerinsel, oftmals weitab von touristischem Geschehen, vermittelten, vor allem durch die kleinen Zufälligkeiten am Rande, ein ganz eigenes Bild der mediterranen Schönheit. Die Werke des Hobbyfotografen, ein Traktat von zehn Jahren Kreta-Urlaub schmückten von Anfang Dezember bis Mitte Januar 2007 unser Institut.



Eckart Haupt, Montepulciano  
Tuschezeichnung



### ARTIKEL UND PRESSEMITTEILUNGEN

#### 18. Januar

ACRYL UND PASTELL VON ALEXANDRA FRÖB AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 25. Januar

Blick ins Herz der Blüte. Infototo zur Ausstellungseröffnung von A. Fröb, *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 13.

#### Februar

Hupfer, A. Vorhang auf für die kleinen Moleküle. *Laborjournal 1-2/2006*, S. 20-23.

#### 9. Februar

Blüten in der Kunst. Infototo Ausstellung A. Fröb, *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 14.

#### 23. Februar

Schierholz, A. Eine Stadt muss sich entdecken. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 3.

#### 8. März

PROFESSOR TONI M. KUTCHAN FOLGT RUF NACH AMERIKA. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 9. März

Krause, I. Mohn-Expertin zieht nach Amerika um. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 16.

#### 9. März

DER MOHN ZIEHT NACH AMERIKA. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 14. März

BEATE GÖDECKE STELLT AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE AUS. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 16. März

Krause I. Kunst von Kunstpädagogin. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 18.

#### 16. März

SAMEN OHNE BITTERSTOFFE AUS TRANSGENEM RAPS. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### April

Bünnagel, D. Ob Weizenmehl, Tofu, Reis. *Leibniz-Journal 1/2006*, S. 10-11.

#### April

Scheel, D. Nutzen der "Grünen" Gentechnik. *Leibniz-Journal 1/2006*, S. 14.

#### April

Prof. Toni M. Kutchan verlässt das IPB. *Laborpraxis, April 2006*, S. 18. *Process, April 2006*, S. 16.

#### 11. Mai

MEDITERRANE IMPRESSIONEN AUS DER SICHT DES MUSIKERS. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 12. Mai

Städter, A. Ein Alleskönner unter den Pflanzen. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 13.

#### 4. Juli

Krause, I. Hitzeschlag für die Bauleute. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 9.

#### 7. Juli

BILDER AUS DER FORSCHUNG ZUR LANGEN NACHT DER WISSENSCHAFT. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 8. Juli

Krause, I. Ein Mord zur Langen Nacht. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 11.

#### 14. Juli

Pieplow, S. Virtuellen Doktorhut erwerben. *East Magazin 2/2006*, Seite 38.

#### 15. Juli

Deutsch, M. Wissenschaftliche Kostprobe, *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 13.

#### 31. August

METALLTOLERANTE PFLANZEN-EINE FRAGE DER GENAKTIVITÄT? **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 18. September

LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE ÖFFNET SEINE PFORTEN ZUM SCHAUTAG DER CHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 20. September

Schautag der Chemie. *BILD-Zeitung*.

#### 20. September

Krause, I. Schautag der Chemie. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 13.

#### 20. September

Institut öffnet seine Pforten zum Tag der Chemie. *Wochenspiegel*, S. 4.

#### 25. September

Möbius, J. Chancen in der Chemie - Leibniz-Institut öffnete Pforten für Besucher.

*Mitteldeutsche Zeitung*, S. 8.

#### 23. Oktober

IRIS BAND ZEIGT STÄDTE AUS DER VOGELPERSPEKTIVE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 24. Oktober

Iris-Band-Schau. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 14.

#### 3. November

Scholtyssek, W. Schau von Iris Band zeigt Stadt-Träume und Traum-Städte. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 17.

#### 11. Dezember

FERNWEH NACH BLAUEN WELTEN AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 12. Dezember

Pohle, H. Fotograf zeigt Bilder von Kreta. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 11.

#### 13. Dezember

Schau im Institut. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 12.

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

[www.allpr.de](http://www.allpr.de)

[www.bionity.com](http://www.bionity.com)

[www.bista.de](http://www.bista.de)

[www.chemieonline.de](http://www.chemieonline.de)

[www.chemiereport.de](http://www.chemiereport.de)

[www.chemlin.de](http://www.chemlin.de)

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

[www.innovationsreport.de](http://www.innovationsreport.de)

[www.interconnections.de](http://www.interconnections.de)

[www.jobvector.de](http://www.jobvector.de)

[www.juraforum.de](http://www.juraforum.de)

[www.kompetenznetze.de](http://www.kompetenznetze.de)

[www.pressrelations.de](http://www.pressrelations.de)

[www.sachsen-anhalt.de](http://www.sachsen-anhalt.de)

[www.sciencz.de](http://www.sciencz.de)

[www.uni-protokolle.de](http://www.uni-protokolle.de)

[www.vdbiol.de](http://www.vdbiol.de)

[www.wissenschaft24.de](http://www.wissenschaft24.de)

### RADIOBEITRAG

#### 12. Januar

Für stärkere Nutzung der Grünen Gentechnik. Life-Interview mit Dierk Scheel. *Deutschlandradio Kultur*.



## ANFAHRT UND IMPRESSUM



**HERAUSGEBER:**

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

**REDAKTION & LAYOUT:**

Sylvia Pieplow  
Susanne Kubenz  
Presse- und Öffentlichkeitsarbeit

Tel.: (0345) 5582 1110  
Fax: (0345) 5582 1119  
E-Mail: [spieplow@ipb-halle.de](mailto:spieplow@ipb-halle.de)

**GRAFIKEN & FOTOS:**

Christine Kaufmann & Annett Kohlberg

Copyright © 2007 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 Literaturangaben in diesem Bericht beziehen sich, soweit nicht ausdrücklich anders erwähnt, auf das Jahr 2006.