

# JAHRESBERICHT 2007

---

## 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)

## INHALTSVERZEICHNIS

Vorstellung und Forschungsprofil des Instituts	4
Wissenschaft im Berichtsjahr	6
Weitere Aktivitäten des IPB	10
Organe des Instituts	12
Mitarbeiter in speziellen Funktionen & Organigramm	14
<b>ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE</b>	<b>16</b>
<i>Kommissarischer Leiter: Professor Claus Wasternack</i>	
AG Jasmonatwirkungsweise	17
Leiter: Claus Wasternack & Otto Miersch	
Publikationen der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie	18
<b>ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE</b>	<b>19</b>
<i>Leiter: Professor Ludger Wessjohann</i>	
AG Naturstoffe	20
Leiter: Norbert Arnold & Jürgen Schmidt	
AG Chemoenzymatik	21
Leiter: Ludger Wessjohann & Wolfgang Brandt	
AG Synthese	22
Leiter: Ludger Wessjohann & Bernhard Westermann	
AG Spektroskopie	23
Leiter: Andrea Porzel & Jürgen Schmidt	
AG Screening	24
Leiter: Norbert Arnold & Bernhard Westermann	
AG Computerchemie	25
Leiter: Wolfgang Brandt & Andrea Porzel	
Publikationen der Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie	26
<b>ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE</b>	<b>28</b>
<i>Leiter: Professor Dierk Scheel</i>	
AG Molekulare Kommunikation in Pflanze-Pathogen-Interaktionen	29
Leiter: Wolfgang Knogge	
AG Zelluläre Signaltransduktion	30
Leiter: Dierk Scheel & Justin Lee	
AG Induzierte Pathogenabwehr	31
Leiter: Dierk Scheel & Sabine Rosahl	
AG Bioinformatik & Massenspektrometrie	32

Leiter: Steffen Neumann	
<b>AG Metabolite Profiling</b>	<b>33</b>
Leiter: Dierk Scheel	
<b>UNABHÄNGIGE NACHWUCHSGRUPPE</b>	
<b>EXZELLENZNETZWERK AUXIN-SIGNALTRANSDUKTION</b>	<b>34</b>
Leiter: Dr. Marcel Quint	
Publikationen der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie	35
<b>ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL</b>	<b>36</b>
Leiter: Professor Dieter Strack	
<b>AG Phenylpropanstoffwechsel</b>	<b>37</b>
Leiter: Dieter Strack & Carsten Milkowski	
<b>AG Molekulare Physiologie der Mykorrhiza</b>	<b>38</b>
Leiter: Michael H. Walter	
<b>AG Zellbiologie der Mykorrhiza</b>	<b>39</b>
Leiterin: Bettina Hause	
<b>AG Metabolite Profiling &amp; Proteinbiochemie</b>	<b>40</b>
Leiter: Willibald Schliemann & Thomas Vogt	
Publikationen der Abteilung Sekundärstoffwechsel	41
<b>ABTEILUNG ADMINISTRATION, ZENTRALE DIENSTE &amp; TECHNIK</b>	<b>42</b>
Leiter: Lothar Franzen	
Mitarbeiter der Abteilung Administration, Zentrale Dienste & Technik	43
Personalübersicht 2007	44
Übersicht über Haushalts- und Drittmittel 2007	45
Projekte im Rahmen des Paktes für Forschung und Innovation	46
Drittmittel und Finanzierungsübersicht	47
Mitwirkung des IPB an nationalen und internationalen Forschungsnetzwerken	51
Gastwissenschaftler und Stipendiaten	52
<b>PRESSE- UND ÖFFENTLICHKEITSARBEIT</b>	<b>53</b>
Leiterin: Sylvia Pieplow	
Medienpräsenz des IPB	56
Anfahrt und Impressum	57

## VORSTELLUNG UND FORSCHUNGSPROFIL DES INSTITUTS

### VORSTELLUNG

Das Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie (IPB) in Halle (Saale) wurde am 1. Januar 1992 als ein vom Bund und vom Land Sachsen-Anhalt finanziertes außeruniversitäres Forschungsinstitut mit dem juristischen Status einer Stiftung des öffentlichen Rechts des Landes Sachsen-Anhalt gegründet. Es untersteht dem Schutz und der Aufsicht der Regierung des Landes Sachsen-Anhalt. Seit seiner Gründung ist das Institut Mitglied der Forschungsgemeinschaft Blaue Liste, die sich im Oktober 1997 in Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL) umbenannt und umorganisiert hat und sich seit 2003 Leibniz-Gemeinschaft nennt. Das IPB gehört zur Sektion Lebenswissenschaften, in der 21 Institute der insgesamt 84 Einrichtungen zusammengefasst sind. Das Vorgängerinstitut wurde am 1. Januar 1958 von Kurt Mothes im Auftrag der Deutschen Akademie der Wissenschaften zu Berlin als Arbeitsstelle für Biochemie der Pflanzen gegründet.

Das Institut besteht aus vier wissenschaftlichen Abteilungen (*Naturstoff-Biotechnologie, Natur- und Wirkstoffchemie, Stress- und Entwicklungsbiologie sowie Sekundärstoffwechsel*), einer aus Drittmitteln geförderten unabhängigen Nachwuchsgruppe (*Auxin-Signaltransduktion*) und aus der Abteilung *Administration, Zentrale Dienste & Technik*, in denen 95 Wissenschaftler und 74 Nichtwissenschaftler beschäftigt sind. Im Mittelpunkt des weltweit einzigartigen Forschungsprofils des IPB steht die umfassende Analyse pflanzlicher und pilzlicher Naturstoffe, die im Rahmen einer multidisziplinären Strategie mit chemischen, physiologischen, zellbiologischen, biochemischen, molekularbiologischen und genetischen Methoden bearbeitet werden. Die Schwerpunkte der Arbeiten liegen auf dem Studium molekularer Interaktionen in komplexen biologischen Prozessen und Untersuchungen der Interaktionen von Pflanzen mit Mikroorganismen (Pathogene und Symbionten) und abiotischen Stressoren. Dabei nimmt die Grundlagenforschung eine wichtige Stellung ein, denn sie ist Ausgangspunkt für innovative anwendungsorientierte Forschungsprojekte, da die gewonnenen Erkenntnisse neue Wege eröffnen für eine nachhaltige Nutzung biogener Stoffe in Pflanzenproduktion, Biotechnologie und Wirkstoffentwicklung.

Im Bereich der Pflanzenwissenschaften zählt das IPB zu den führenden Instituten mit dem Bestreben, seinen Mitarbeitern und insbesondere den Nachwuchs- und Gastwissenschaftlern ein exzellentes Umfeld von internationalem Rang zu bieten. Es steht in engem Kontakt zur Martin-Luther-Universität Halle, die räumlich am Weinberg mit dem Institut verbunden ist. Letzteres kommt insbesondere durch gemeinsame Berufungen der wissenschaftlichen Leitungspositionen zum Ausdruck, wobei die Abteilungsleiter in Personalunion eine Professur an der Universität einnehmen.

Die Organe der Stiftung sind der Stiftungsrat, der Wissenschaftliche Beirat und das Direktorium. Der Geschäftsführende Direktor und der Administrative Leiter bilden als

Teil des Direktoriums die Geschäftsführung des rechtlich selbständigen Instituts. Das Institut ist – vertreten durch die Geschäftsführung – Arbeitgeber der bei ihm beschäftigten Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter. Der Wissenschaftliche Institutsrat (WIR) – bestehend aus den Leiterinnen und Leitern der wissenschaftlichen Arbeitsgruppen – berät das Direktorium in allen wissenschaftlichen und organisatorischen Fragen.

Im Auftrag des Senats der Leibniz-Gemeinschaft hat die letzte externe Evaluierung am 19. und 20.09.2006 im IPB stattgefunden. Das Ergebnis der externen Evaluierung liegt mit Stellungnahme des Senats vom 18.07.2007 vor. Der Senat empfiehlt Bund und Ländern, das IPB als Forschungseinrichtung auf der Grundlage der Ausführungsvereinbarung *Forschungseinrichtungen* weiter zu fördern. Die Evaluierungskommission stellt fest, dass das IPB eine der führenden deutschen Einrichtungen auf dem Gebiet der Pflanzenwissenschaften ist, das sich auch international sehr gut positioniert hat. Die Qualität der Forschungsarbeiten, die sich in einer Vielzahl von Publikationen in hochrangigen Zeitschriften widerspiegelt, wird als sehr gut bis exzellent bewertet.

#### FORSCHUNGSPROFIL

Pflanzliche und pilzliche Organismen haben im Laufe der Evolution eine enorme Vielfalt der Strukturen ihrer Inhaltsstoffe entwickelt. Diese Vielfalt erhält eine zusätzliche Dimension durch Veränderungen der Muster dieser Stoffe im Verlauf bestimmter Entwicklungsprozesse und Anpassungen an Umweltbedingungen. Die Kenntnis von Struktur und Funktion der Inhaltsstoffe ist eine essenzielle Voraussetzung für das Verständnis von Entwicklungs- und Anpassungsprozessen und eröffnet neue Ressourcen für eine Nutzung in Pflanzenproduktion, Pflanzenschutz, Biotechnologie und Wirkstoffentwicklung. Mit dem fortschreitenden Erkenntnisgewinn aus der Genomforschung erhalten diese Erkenntnisse eine fundamentale Bedeutung bei der funktionalen Genomanalyse.

Die umfassende Analyse ***pflanzlicher und pilzlicher Naturstoffe*** ist deshalb einer der zentralen Schwerpunkte im Forschungskonzept des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie. Zur Erfassung von Naturstoffen in biologischem Material werden in einem abteilungsübergreifenden Kompetenzbereich modernste analytische Verfahren eingesetzt. Dies bildet die Grundlage für die Entdeckung neuer Naturstoffstrukturen sowie Untersuchungen zu ihrer Biosynthese und biologischen Funktion. Die Strukturaufklärung liefert die Grundlage für Synthese und Derivatisierung der Naturstoffe und leistet einen wichtigen Beitrag zur Erhöhung ihrer Diversität und Aufklärung ihrer biologischen Aktivität. Die 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.

## WISSENSCHAFT IM BERICHTSJAHR

Die genetisch determinierte pflanzliche Entwicklung und ihre Modulation im Rahmen einer optimalen Adaptation an die jeweiligen Umweltbedingungen beruhen auf rezeptorvermittelter Perzeption 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 inter-organismer 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.

#### WISSENSCHAFT

In der **Abteilung *Naturstoff-Biotechnologie*** war durch die nicht abgeschlossene Besetzung der Leiterstelle nur die **Arbeitsgruppe *Jasmonatwirkungsweise*** tätig. Trotzdem entfaltete sich eine rege Forschungsaktivität unter vielfältiger Einbeziehung kurzzeitiger Anstellungen von Wissenschaftlern sowie wissenschaftlichen und studentischen Hilfskräften. Diese Arbeitsgruppe konnte die jahrelangen Aktivitäten zur Jasmonatbiosynthese, -regulation und -wirkungsweise durch wichtige Aspekte der Jasmonat-Signaltransduktion in Entwicklungsprozessen und der Abwehr von biotischem und abiotischem Stress erweitern. Ein Phytohormon wirkt in der Regel durch eine kurzzeitige Änderung seiner Konzentration und/oder durch sein kurzzeitiges Vorkommen als aktive Form in einer Zelle oder einem Gewebe. Um die Signalwirkung des Hormons aufzuheben, ist seine Inaktivierung erforderlich. 2007 gelang der Nachweis, dass eine Hydroxylierung von Jasmonsäure (JA) in der Pentenylseitenkette zu einem biologisch inaktivem Derivat, der 12-OH-JA führt. Sowohl Jasmonat-abhängige Wachstumsänderungen wie die Hemmung der Keimung oder des Wurzelwachstums als auch die Expression JA-regulierter Gene erfolgen zwar durch JA und ihren Methylestern, nicht aber durch 12-OH-JA. Durch Analysen von JA-Biosynthese-Mutanten gelang der Nachweis einer JA-abhängigen 12-OH-JA-Bildung. Demnach scheint das Verhältnis von JA zu 12-OH-JA die Signalwirkung mitzubestimmen, und die Pflanze ist offenbar in der Lage, das aktive Hormon zu beseitigen, indem sie JA zur inaktiven 12-OH-JA umwandelt. Den Wissenschaftlern des IPB ist es somit gelungen, das auch für andere Phytohormone geltende Prinzip der Inaktivierung durch Hydroxylierung auch für die Jasmonsäure nachzuweisen. Erste Hinweise auf eine epigenetische Kontrolle über *TERMINAL FLOWERING2*, einem Gen mit Funktion in der Blühinduktion, wurden aus Mikro-Array-Analysen gewonnen.

In der **Arbeitsgruppe *Synthese*** der **Abteilung *Natur- und Wirkstoffchemie*** gelang die Totalsynthese des Tubulysins, dem eine mögliche Bedeutung als Wirkstoff gegen

## WEITERE AKTIVITÄTEN DES IPB

Kreberkrankungen zugeschrieben wird. Kreberkrankungen haben ihre Ursache in unkontrollierten Zellteilungen. Eine Voraussetzung für Zellteilungen ist ein intaktes Zytoskelett, zu dem besonders die sogenannten Mikrotubuli beitragen. Substanzen, die die Ausbildung von Mikrotubuli verhindern bzw. ihre Struktur verändern, sind in der Lage Zellteilungen zu hemmen und gewinnen daher zunehmende Bedeutung als Wirkstoffe zur Entwicklung neuer Medikamente gegen Krebs. Ein derart wirkender Naturstoff, das Tubulysin, konnte von Wissenschaftlern des IPB nun erstmals auch synthetisch hergestellt werden. Da eine natürliche Gewinnung des Wirkstoffes aus Bakterien sich als wenig effizient erweist, ist die chemische Synthese derzeit die einzige Möglichkeit, Tubulysine in ausreichender Menge für wissenschaftliche und präklinische Studien zur Verfügung zu stellen. Tubulysine wirken destabilisierend auf das Mikrotubuli-Netzwerk eukaryotischer Zellen. Ihre Wirkung ist effektiver als z.B. das derzeit meistgenutzte Krebsmedikament Taxol®. Sie bestehen aus vier seltenen nicht-proteinogenen Aminosäuren. Als Schlüsselschritt der Totalsynthese kam eine Multikomponentenreaktion zum Thiazol-Heterozyklus zum Einsatz. Struktur-Aktivitätsstudien ergaben, dass schon kleinste Änderungen der Struktur zu einer starken Verminderung der biologischen Aktivität führen. Die synthetischen Erfolge und Computer-Modeling Experimente eröffnen somit bislang nicht gekannte Möglichkeiten zum Verständnis der Wirkweise des Tubulysins und weisen den Weg zu verbesserten Medikamenten.

Es gelang außerdem, neue sequenzielle Verfahren der Synthese komplexer Peptidmimetika sowie in enger Kooperation mit der Abteilung *Sekundärstoffwechsel* einen biokatalytisch/chemischen Zugang zu Methylierungsmustern in Flavonoiden zu entwickeln. Neben der wissenschaftlichen Arbeit wurde die Chemiedozententagung als größte ihrer Art in Europa mitorganisiert. Darüber hinaus gab die Abteilung gemeinsam mit der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit eine Broschüre der Chemieforschung in Halle heraus und hat am Evaluierungstest der deutschen Chemieinstitute durch den Wissenschaftsrat teilgenommen.

In der **Arbeitsgruppe Bioinformatik & Massenspektrometrie** der **Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie** wurde das System *MetArchive* entwickelt, das es ermöglicht, die in Hochdurchsatz-Analysen, wie z.B. in der Massenspektrometrie (MS), anfallenden Rohdaten im herstellerübergreifenden mzData-Standard abzulegen. Mit MS-Geräten werden die Identität und Häufigkeit von Metaboliten in komplexen Proben gemessen. Als Grundlage für die Analyse der MS-Daten wird das neu entwickelte System eingesetzt. Dadurch lassen sich auch im Nachhinein Messungen mit gleichen Merkmalen (z.B. Gerätehersteller, Pflanzenmaterial oder Behandlung) zusammenstellen. Aus diesen Rohdaten werden die biologisch relevanten Informationen extrahiert. Zu Beginn des Prozesses steht die Signalverarbeitung, die aus den Geräterohdaten die Massensignale der Metaboliten extrahiert. Dazu werden am IPB verschiedene Module für das Open Source Projekt XCMS entwickelt, die eine verbesserte Signalverarbei-



tung und eine direkte Anbindung an das *MetArchive* aufweisen. Die hier erzielten Ergebnisse können direkt im *Data Warehouse MetHouse* abgelegt und über die komfortable Web-Oberfläche *BioMart* abgefragt werden. Der nächste Schritt ist die statistische Auswertung der Signalintensitäten, um beispielsweise auch bei hoher biologischer Varianz signifikante Unterschiede etwa zwischen einer Mutante und dem passenden Wildtyp zu finden. In Zukunft werden verschiedene *-omics-Daten* kombiniert und weitere biologische Zusammenhänge mit Algorithmen zur Netzwerkanalyse untersucht.

Die **Arbeitsgruppe Metabolite Profiling & Proteinbiochemie** in der **Abteilung Sekundärstoffwechsel** konnte die Rolle einer Methyltransferase in der Blütenentwicklung aufklären. Die Methylierung durch *S*-Adenosylmethionin-abhängige *O*-Methyltransferasen (OMTs) ist eine weit verbreitete Modifizierung zahlreicher Naturstoffe. Kationen-abhängige OMTs repräsentieren eine kleinere Gruppe dieser Enzyme in Tieren und Pflanzen, die neben ihrer Abhängigkeit von bivalenten Kationen auch durch eine geringe molekulare Masse von etwa 25 kDa charakterisiert sind. In Säugern werden aromatische Neurotransmitter wie Dopamin durch entsprechende Enzyme inaktiviert. In Pflanzen ist die Funktion dieser CCoAOMTs, benannt nach ihrem bevorzugten Substrat Caffeoyl-Coenzym A, bislang einzig auf die Methylierung von Lignin-Monomeren beschränkt. Sie sind damit maßgeblich für die Struktur und die Eigenschaften dieses Polymers verantwortlich. In einer Untersuchung der CCoAOMT-Genfamilie wurde kürzlich eine spezifische CCoAOMT in jungen Staubblättern der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) nachgewiesen. Die zeitlich und lokal eng begrenzte Expression des Proteins in jungen Knospen lässt dabei, über die Methylierung von Lignin-Bausteinen hinaus, eine wichtige Funktion im Rahmen der Blütenentwicklung dieser Pflanze plausibel erscheinen.

#### PUBLIKATIONSAKTIVITÄTEN UND EINWERBUNG VON DRITTMITTELN

Im Vergleich zum Vorjahr konnte das IPB 2007 mit mehr als 110 Arbeiten die Anzahl der Publikationen deutlich steigern. Der Anteil an abteilungsübergreifenden Arbeiten lag bei etwa 20%. Die Einwerbung von Drittmitteln konnte auf rund 1.600 TEUR gesteigert werden – darunter DFG-Mittel von etwa 750 TEUR. Diese Steigerung geht vor allem auf Aktivitäten der **Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie** zurück.

#### Pakt für Forschung und Innovation

Bund und Länder haben mit den großen nationalen Forschungseinrichtungen den **Pakt für Forschung und Innovation** geschlossen. Damit soll exzellente wissenschaftliche Nachwuchsforschung über Organisationsgrenzen hinweg gefördert werden. Als antragstellende Leibniz-Einrichtung kann das IPB bereits seit der ersten Vergaberunde bis 2010 drei erfolgreiche Anträge vorweisen.

## WEITERE AKTIVITÄTEN DES IPB

Im Jahr 2007 konnte mit Arbeiten zum Paktantrag *Identifizierung eigenschaftsrelevanter Metabolitencluster* (Vergaberunde 2007) begonnen werden. Das Projekt beinhaltet differenzielle Metabolom-Analysen genetisch verwandter Organismen zur Identifizierung von Metaboliten, die für die Wechselwirkung von Pflanzen und Mikroorganismen und als Wirkstoffe eine Rolle spielen. Projektverantwortlicher ist Dr. Kai Naumann in der **Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie**. Das Vorhaben verstärkt die strukturelle und nachhaltige Vernetzung des IPB mit nationalen und internationalen Kooperationspartnern im Rahmen von interdisziplinären Forschungsvorhaben und erlaubt den Ausbau der bestehenden Kompetenznetzwerke *Plant Metabolism Network* (PlantMetaNet) und *Bioinformatik-Center Gatersleben-Halle* (BIC-GH).

Bei einem weiteren Paktantrag *Molekularphysiologische Untersuchungen zur Adventivwurzelentwicklung zur Verbesserung der Stecklingsvermehrung im Zierpflanzenbau* (Vergaberunde 2006) ist Dr. Bettina Hause in der **Abteilung Sekundärstoffwechsel** mit Arbeiten über die Rolle des Wundhormons Jasmonsäure beteiligt. Projektverantwortlicher ist Dr. Uwe Drüge aus dem Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren. Die Arbeiten dieses Projektes zielen auf das Verständnis der physiologischen Grundlagen des entwicklungsbiologischen Prozesses der Adventivwurzelbildung als Voraussetzung für die Optimierung der Stecklingsvermehrung.

### NACHWUCHSFÖRDERUNG

Am 31.12.2007 hielten sich 57 Doktoranden am IPB auf, gegenüber dem Vorjahrestichtag eine Steigerung um 10 Personen. Die Doktoranden des IPB haben die **3. Plant Science Student Conference** ausgerichtet. Diese Konferenz ist für die Teilnehmer eine geeignete Plattform, um unter Jungwissenschaftlern einen intensiven Gedankenaustausch zu ermöglichen. Zu dieser Veranstaltung konnten 88 Promotionsstudenten aus den vier benachbarten Instituten der Region Mitteldeutschlands (IPK Gatersleben; MPI Golm; MPI Jena; IPB Halle) begrüßt werden.

Die Berufsausbildung am Institut hat nach wie vor einen hohen Stellenwert. Sie lag mit acht Auszubildenden am 31.12.2007 nur knapp unter der dauerhaft angestrebten Anzahl von zehn jungen Menschen in Berufsausbildung. Ausgebildet wird in den Berufsbildern Bürokauffrau/mann, Gärtner/in für Zierpflanzenbau, Chemielaborant/in sowie Fachinformatiker/in und Informatikkauffrau/mann.

### FINANZIELLE AUSSTATTUNG

Das IPB verfügt im Rahmen der institutionellen Förderung über eine angemessene Finanzausstattung. Ausgesuchte Haushaltstitel werden intern nach festgelegten Leistungskriterien an die wissenschaftlichen Abteilungen vergeben (40% variabel). Die in

Höhe von 1,6 Millionen Euro eingeworbenen zusätzlichen Drittmittel entsprechen 21,7% der Betriebsausgaben der institutionellen Förderung. Damit konnte bereits im Jahr 2007 das aktuelle Strukturziel des IPB von 20% erreicht werden. Im Jahr 2007 erhielt das IPB zur Kofinanzierung eines wissenschaftlichen Großgerätes erstmals eine Bewilligung aus Mitteln des Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (EFRE).

#### **AUSGRÜNDUNG**

Im Jahr 2007 liefen die Vorbereitungen zur Schaffung der Grundlagen für eine beabsichtigte Ausgründung durch Mitarbeiter des IPB, die zunächst für einen Zeitraum von einem Jahr über ein Gründerstipendium aus dem Programm *EXIST* gefördert werden. Ziel ist die Gründung einer Firma, die auf der Basis von Forschungsergebnissen des IPB neue Farbstoffe für biologische Anwendungen entwickelt und vermarktet. Parallel dazu hat das IPB betreffend des Erfindungsgegenstandes die Erteilung eines Schutzrechtes beantragt. Das IPB wird künftig betreffend Schutzrechtverfahren und Technologietransfer von der Patentverwertungsagentur *ESA-PVA*, Sachsen-Anhalt, beraten.

#### **NEUES LABORGEBÄUDE**

Das IPB hat die infrastrukturellen Voraussetzungen für die Etablierung einer weiteren chemisch orientierten und unabhängigen Nachwuchsgruppe geschaffen. Dafür wurde ein neues Laborgebäude (E2) errichtet, dessen Arbeitsplätze derzeit für vorbereitende Arbeiten der beabsichtigten Ausgründung genutzt werden. Nach Abschluss der Startphase von einem Jahr werden die Gründer externe Räume beziehen. Die freien Bereiche werden dann von der Nachwuchsgruppe belegt werden, deren Mitglieder eine akademische Laufbahn im Bereich der bioorganischen Chemie oder chemischen Biologie anstreben.

## ORGANE DES INSTITUTS

### DIREKTORIUM

**Professor Dieter Strack**

Geschäftsführender Direktor ab 17.11.2007  
Leiter der Abteilung Sekundärstoffwechsel

**Lothar Franzen**

Leiter der Abteilung Administration, Zentrale Dienste und Technik

**Professor Dierk Scheel**

Geschäftsführender Direktor bis 16.11.2007  
Leiter der Abteilung Stress- und Entwicklungsbiologie

**Professor Claus Wasternack**

Kommissarischer Leiter der Abteilung Naturstoff-Biotechnologie

**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**

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 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, Laboratory of Plant Physiology

**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**

Merck & Co., Inc., Pennsylvania

**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. Sprecher des Wissenschaftlichen Institutsrats ist Dr. Wolfgang Knogge.

### MITARBEITER IN SPEZIELLEN FUNKTIONEN

Dr. Bettina Hause	Ombudsperson zur Sicherung Guter Wissenschaftlicher Praxis
Maritta Süße	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. Michael H. Walter	Datenschutz
Dr. Hans-Jürgen Steudte <i>Sicherheitsingenieur</i> Eberhard Warkus	Arbeitssicherheit
Caroline Stolzenbach	Jugend- und Auszubildendenvertretung

### PERSONALRAT

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



## ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE

Kommissarischer Leiter: Professor Claus Wasternack

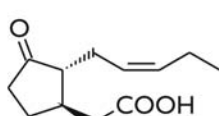
Sekretärin: Christine Dietel

Pflanzen müssen sich infolge ihrer ortsgebundenen Lebensweise ungünstigen Lebensbedingungen wie Kälte, Hitze, Salzstress, Lichtstress und Nährstoffmangel anpassen. Auch gegen Feinde, wie blattfressende Insekten oder diverse Pathogene, müssen Abwehrsysteme oft kurzfristig aufgebaut werden. Zu den Signalstoffen, die bei Abwehrreaktionen gegen biotischen und abiotischen Stress wirksam sind, zählen die Jasmonate. Sie werden seit mehr als 20 Jahren im Institut mit analytischen, molekulargenetischen und zellbiologischen Methoden bearbeitet. Dies erfolgt in der Arbeitsgruppe *Jasmonatwirkungsweise*, die derzeit die einzige Arbeitsgruppe der Abteilung ist, nachdem 2006 drei auf dem Gebiet der Alkaloidforschung tätige Arbeitsgruppen in die USA bzw. nach Kanada gewechselt hatten.

Jasmonsäure und ihre Metabolite entstehen aus ungesättigten Fettsäuren chloroplastidärer Membranen. Nachdem die Arbeitsgruppe an der Aufklärung molekularer Fragen sowie der Regulation der Jasmonatbiosynthese wesentlich beteiligt war, ist sie derzeit auch mit dem Nachweis neuer Jasmonatverbindungen und ihrem breiten Vorkommen in verschiedenen Pflanzenspezies und deren Organen beschäftigt. Überraschend war dabei im letzten Jahr u.a. der Nachweis ungewöhnlich hoher Mengen von Jasmonsäure und ihren biosynthetischen Vorstufen in den Blättern und Stängeln der Mistel (**Siehe Foto**), was im Zusammenhang mit tages- und jahreszeitlich vorkommenden Krümmungsbewegungen der Mistelblätter zu stehen scheint.

Das Hauptinteresse der Jasmonatforschung in der Abteilung widmet sich mechanistischen Zusammenhängen von Jasmonsäure und ihren Metaboliten in der Wundantwort der Pflanzen sowie bei der Blüten- und Embryoentwicklung bzw. Samenkeimung. Dabei wird ein relativer Abschluss der Arbeiten angestrebt, da beide Projektleiter 2008 in den Ruhestand eintreten.

Der im Oktober 2007 in *Annals of Botany* publizierte Übersichtsartikel *Jasmonates. An update on biosynthesis, signal transduction and action in plant stress response, growth and development* wurde von Thomsons Reuters *Science Watch* als eine der meist zitierten Publikationen auf dem Gebiet der Pflanzenforschung der letzten zwei Jahre ausgewählt.







## AG JASMONATWIRKUNGSWEISE

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 erfolgt mittels transgener Ansätze in den Objekten 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 das Vorkommen, die Identifizierung und Funktion von Jasmonsäuremetaboliten, insbesondere 12-Hydroxyjasmonaten, einschließlich ihrer potentiellen Nutzung. Hinzugekommen sind auch Fragen der Regulation durch Licht und Aspekte der epigenetischen Kontrolle.

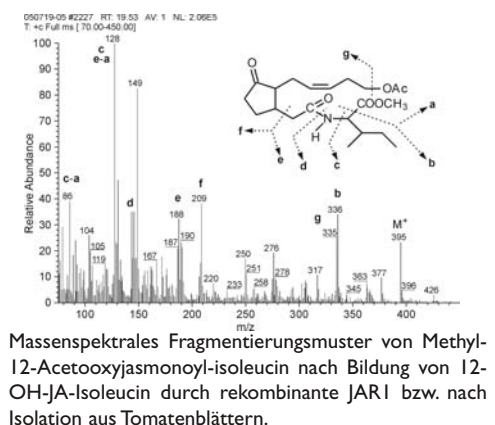
Die 2007 erfolgten Arbeiten zur Jasmonatbiosynthese und ihrer Regulation in Arabidopsis kamen mit der Charakterisierung von zwei  $\beta$ -Oxidationsmutanten, zwei Allenoxidcyclase-(AOC)-KO-Mutanten und dem Nachweis der Substratspezifität rekombinanter Jasmonat-Aminosäure-Konjugat-Synthase (JAR1) zum Abschluss. Diese Arbeiten belegten, dass die letzten Schritte der Jasmonatbiosynthese analog der  $\beta$ -Oxidation der Fettsäuren erfolgt, dass einzelne der vier AOCs von *A. thaliana* überlappend und individuell eine Funktion ausüben und dass das Enzym JAR1 für ein Enantiomer der Jasmonsäure spezifisch ist, aber auch 12-hydroxylierte Jasmonsäure mit Isoleucin zum entsprechenden Aminosäurekonjugat umsetzen kann. Da diese Verbindung auch in Tomatenblättern identifiziert wurde (Siehe Abb.), wurde damit erneut auf die metabolische Vielfalt unter den Jasmonaten hingewiesen, ein Aspekt, der vor allem durch die halleschen Jasmonatarbeiten bekannt wurde. Dass diese metabolische Vielfalt auch funktionell wirksam ist, zeigen die Arbeiten von 2007 zur Klonierung einer 12-Hydroxyjasmonat-Sulfotransferase der Tomate und ihrer Funktionsanalyse mittels transgener Tomatenlinien. Hier ist bei konstitutiver Überexpression des Gens, das für diese Sulfotransferase kodiert, ein Phänotyp mit erhöhter Blütenanzahl und verstärkter Verzweigung der Blütenstände von besonderem Interesse und wird derzeit molekular untersucht.

Weitere Arbeiten widmeten sich der Regulation der Jasmonatbiosynthese durch Licht. Unter Verwendung von Mutanten der Phytochrome, den Lichtrezeptoren der Pflanze, konnte anhand von Expressionsanalysen für Jasmonatbiosynthesegene, ihren Promotoraktivitäten sowie anhand von Jasmonatgehalten über den Licht-Dunkelrhythmus eines Tages kein direkter Zusammenhang hergestellt werden, wohl aber sind Prozesse der Metabolisierung lichtreguliert. Indirekt aus den

Jasmonatarbeiten hervorgegangen ist ein neuer Aspekt zur epigenetischen Kontrolle (Zusammenarbeit Gunter Reuter, MLU). Hierbei wird nach Geninaktivierung mittels epigenetischer Kontrollmechanismen unter Beteiligung von *TERMINAL FLOWER2* gefragt, u.a. durch Microarrayanalysen einer *tfl2*-Mutante und einer *TFL2*-Überexpressionslinie zwecks Auffindung von Partnern (Targets) der TFL2-Wirkung.

Fortgesetzt wurde die Zusammenarbeit mit der Probiobdrug AG zum Thema Glutaminylcyclasen (QCs), um die bisher gewonnenen rekombinanten QCs an Kartoffel und Arabidopsis zur QC-Inhibitor-Entwicklung zu nutzen. Die Bedeutung der QC für die Plaque-Entwicklung während der Alzheimer-Krankheit hat die QC-Bearbeitung bei Probiobdrug in den Mittelpunkt gerückt.

Die Halleschen Jasmonatarbeiten basieren wesentlich auf einer von langjähriger Erfahrung geprägten Analytik, einschließlich chemischer Synthesen. Zur Sicherung dieses Knowhows auch nach dem Wechsel beider Projektleiter in den Ruhestand 2008 wurden entsprechende Synthesen von Standards auf Vorrat durchgeführt und die Überleitung analytischer und molekularer Tools vorbereitet.



### MITARBEITER

- Domenica Arndt**  
Technische Assistentin
- Claudia Bernstein**  
Diplomandin
- Christian Böttcher**  
Technischer Assistent
- Carolin Delker**  
Postdoktorandin
- Susanne Feuerschütz**  
Technische Assistentin
- Andreas Finke**  
Diplomand
- Nils Günnewich**  
Doktorand
- Diana Güttdler**  
Diplomandin
- Elke Hillert**  
Technische Assistentin
- Nils Kirmse**  
Diplomand
- Robert Kramell**  
Wissenschaftlicher Mitarbeiter
- Robert Peter Lange**  
Postdoktorand
- Swanhild Lohse**  
Postdoktorandin
- Jana Neumerkel**  
Postdoktorandin
- Birgit Ortel**  
Technische Assistentin
- Markus Otto**  
Doktorand
- Nadine Schumann**  
Diplomandin
- Marco Steen**  
Technischer Assistent
- Michael Stumpe**  
Postdoktorand
- Juliane Sowada**  
Diplomandin
- Stefanie Thumm**  
Technische Assistentin
- Miriam Widder**  
Diplomandin
- Verona Wilde**  
Technische Assistentin

## PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE

### PUBLIKATIONEN 2007

Delker, C., Zolman, B.K., Miersch, O. & Wasternack, C. Jasmonate biosynthesis in *Arabidopsis thaliana* requires peroxisomal  $\beta$ -oxidation enzymes – Additional proof by properties of *pex6* and *aim1*. *Phytochemistry* **68**, 1642-1650.

Dorka, R., Miersch, O., Wasternack, C. & Weik, P. Chronobiological phenomena and seasonal changes in jasmonate levels during the course of the year and under constant conditions in mistletoe (*Viscum album* L.). *Phytomedicine* **14**, Suppl.VII, 15.

Eschen-Lippold, L., Rothe, G., Stumpe, M., Göbel, C., Feussner, I. & Rosahl, S. Reduction of divinyl ether containing polyunsaturated fatty acids in transgenic potato plants. *Phytochemistry* **68**, 797-801.

Fester, T., Lohse, S. & Halfmann, K. Chromoplast development in arbuscular mycorrhizal roots. *Phytochemistry* **68**, 92-100.

Frick, S., Kramell, R. & Kutchan, T.M. Metabolic engineering with a morphine biosynthetic P450 in opium poppy surpassed breeding. *Metabolic Engineering* **9**, 169-176.

Günnewich, N., Page, J.E., Köllner, T.G., Degenhardt, J. & Kutchan, T.M. Functional expression and characterization of trichome-specific (-)-limonene synthase and (+)- $\alpha$ -pinene synthase from *Cannabis sativa*. *Natural Product Commun.* **2**, 223-232.

Guranowski, A., Miersch, O., Staswick, P.E., Suza, W. & Wasternack, C. Substrate specificity and products of side-reactions catalyzed by jasmonate: amino acid synthetase (JAR1). *FEBS Lett.* **581**, 815-820.

Lannoo, N., Vandenborre, G., Miersch, O., Smaghe, G., Wasternack, C., Peumans, W.J. & Van Damme, E.J.M. The jasmonate-induced expression of the *Nicotiana tabacum* leaf lectin. *Plant and Cell Physiol.* **48**, 1207-1218.

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.

Pedranzani, H., Sierro-de-Grado, R., Vigliocco, A., Miersch, O. & Abdala, G. Cold and water stresses produce changes in endogenous jasmonates in two populations of *Pinus pinaster* Ait. *Plant Growth Reg.* **52**, 111-116.

Schilling, S., Stenzel, I., von Bohlen, A., Wermann, M., Schulz, K., Demuth, H.-U. & Wasternack, C. Isolation and characterization of the glutamyl cyclases from *Solanum tuberosum* and *Arabidopsis thaliana*: Implications for physiological functions. *Biol. Chem.* **388**, 145-153.

Schmidt, J., Boettcher, C., Kuhnt, C., Kutchan, T.M., & Zenk, M.H. Poppy alkaloid profiling by electrospray tandem mass spectrometry and electrospray FT-ICR mass spectrometry after [ring- $^{13}\text{C}_6$ ]-tyramine feeding. *Phyto-*

*chemistry* **68**, 189-202.

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.* **274**, 406-417.

ten Hoopen, P., Hunger, A., Müller, A., Hause, B., Kramell, R., Wasternack, C., Rosahl, S. & Conrad, U. Immunomodulation of jasmonate to manipulate the wound response. *J. Exp. Bot.* **58**, 2525-2535.

Topcu, G., Herrmann, G., Kolak, U., Goren, C., Porzel, A. & Kutchan, T.M. Isolation of fatty acids and aromatics from cell suspension cultures of *Lavandula angustifolia*. *Nat. Prod. Res.* **21**, 100-105.

Vigliocco, A., Alemanno, S., Miersch, O., Alvarez, D. & Abdala, G. Endogenous jasmonates in dry and imbibed sunflower seeds from plants grown at different soil moisture contents. *Seed Sci. Res.* **17**, 91-98.

Wasternack, C. Jasmonates: An update on biosynthesis, signal transduction and action in plant stress response, growth and development. *Annals Bot.* **100**, 681-697.

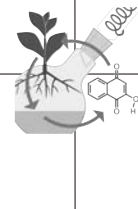
### BUCHKAPITEL

Wasternack, C., Hause, B., Stenzel, I., Goetz, S., Feussner, I. & Miersch, O. Jasmonate signaling in tomato – the input of tissue-specific occurrence of allene oxide cyclase and JA metabolites. In: *Current Advances in the Biochemistry and Cell Biology of Plant Lipids. Proc. of the 17th Int. Symp. on Plant Lipids* (Benning, C. & Ollrogge, J., eds.) Aardvark Global Publishing Company, East Lansing, Michigan, pp.107-111. ISBN 978-1-4276-1965-5

### PUBLIKATIONEN IM DRUCK

Gao, X., Stumpe, M., Feussner, I. & Kolomiets, M. A novel plastidial lipoyxygenase of maize (*Zea mays*) ZmLOX6 encodes for fatty acid hydroperoxide lyase and is uniquely regulated by phytohormones and pathogen infection. *Planta* **227**, 491-504 (2008).

Lange, P.R., Geserick, C., Tischendorf, G. & Zrenner, R. Functions of chloroplastic adenylate kinases in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiol.* **146**, 492-504 (2008).



## ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE

Leiter: Professor Ludger Wessjohann

Sekretärin: Ines Stein

Selektive molekulare Wechselwirkungen von organischen Molekülen sind entscheidende Eigenschaften 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 (Enzyme, Rezeptoren, Antikörper) oder Nucleinsäuren bis hin zur selektiven Bindung an Oberflächenstrukturen (z. B. aus Polysacchariden) reicht. Die Erkennung der molekularen Partner ist dabei häufig auch mit einer (aktiven) Funktion verknüpft, z. B. in 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.

Die Abteilung *Natur- und Wirkstoffchemie* konnte im Jahr 2007 an den hohen Publikationsstandard des Vorjahres anknüpfen, basierend auf ausgezeichneten Ergebnissen. Hervorzuheben sind beispielhaft die Arbeiten zur Struktur des ubiA-Enzyms, ein neues sequentielles Verfahren der Synthese komplexer Peptidmimetika sowie ein kombiniert biokatalytisch/chemischer Zugang zu Methylierungsmustern in Benzopyranen (Flavonoide etc.), letzteres in enger Kooperation mit der Abteilung *Sekundärstoffwechsel*.

Neben der wissenschaftlichen Arbeit wurden zwei Tagungen mitorganisiert, darunter die Chemiedozententagung als größte ihrer Art in Europa, in deren Rahmen zusammen mit der *Presse- und Öffentlichkeitsarbeit* eine Broschüre der Chemieforschung in Halle herausgegeben wurde. Ferner gelang es der Abteilung, die Ausstellung *Hopfen - Arzneipflanze des Jahres 2007* ans IPB zu holen und gemeinsam mit der Pressereferentin Sylvia Pieplow einer breiten Öffentlichkeit zugänglich zu machen.

In einer Pilotstudie des Wissenschaftsrates zur Chemieforschung rangierte das IPB in der besten Gruppe der ostdeutschen Institute/Fachbereiche. Allerdings war das primäre Ziel der Studie, die Evaluierungspraxis zu erproben. Das Rating ist dabei ein Sekundäreffekt, gab aber Hinweise zu weiterer Verbesserung, um langfristig auch mit westdeutschen Spitzeninstituten vergleichbar zu sein, zumindest bei den Parametern, die nicht von der Gesamtgröße der Einrichtung abhängen. Da die chemische Abteilung nur für etwa die Hälfte des Erhebungszeitraumes produktionsfähig war (durch Berufung und Neubau/Umzug), wurde festgestellt, dass zukünftige Erhebungen nochmals deutlich verbesserte Ergebnisse erwarten lassen. Eine Konsequenz der Studie ist die Fortsetzung der Laborantenausbildung und eines strukturierteren Doktorandenprogramms am IPB. Es wurde zudem festgestellt, dass die deutsche Chemieforschung insgesamt im Vergleich der Industrienationen (und China) überdurchschnittlich erfolgreich ist.

## AG NATURSTOFFE

Leiter: Norbert Arnold & Jürgen Schmidt

Die Arbeitsgruppe *Naturstoffe* beschäftigt sich mit der Isolierung und Charakterisierung von Sekundärmetaboliten aus Pflanzen und Höheren Pilzen, mit Untersuchungen zur Biosynthese, phylogenetischen und evolutiven Zusammenhängen. Es werden Sammlungen von lebenden und konservierten Pilzen und Pflanzen sowie von Extrakten unterhalten.

### MITARBEITER

**Annika Denkert**  
Diplomandin

**Kanchana Dumri**  
Doktorandin

**Katrin Franke**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

**Torsten Geißler**  
Diplomand

**Marc Haid**  
Doktorand

**Monika Kummer**  
Technische Assistentin

**Tilo Lübken**  
Postdoktorand

**Katharina Michels**  
Doktorandin

**Dang Ngoc Quang**  
Postdoktorand

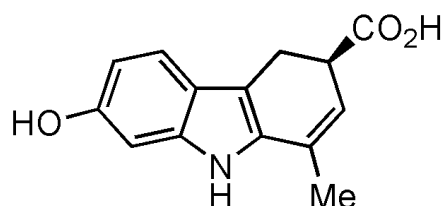
**Axel Teichert**  
Doktorand

### BLÜTENÖLE

Blüten produzieren neben Nektar, Farb- und Duftstoffen z. B. auch Harze, Wachse und Blütenöle. Letztere sind nichtflüchtige Lipide, die von spezialisierten Drüsen, den Elaiophoren, für ölsammelnde Bienen sekretiert werden. Die Bedeutung der Blütenöle für darauf spezialisierte Bienen liegt aber weniger im Nahrungswert für die adulten Tiere, sondern in der Larvenversorgung und – so die Vermutung – dem Bau der Erdnester. Solche Nester der Gattung *Macropis fulvipes* (Melittidae) wurden in Kooperation mit Stefan Dötterl und Konrad Dettner von der Universität Bayreuth erstmals mit massenspektrometrischen und polymerchemischen Methoden untersucht. Die Analyse der Bienennestbestandteile von *M. fulvipes* zeigte als dominante Verbindungen Di(hydroxyfettsäure)-monoacylglycerole, die strukturell mit den pflanzlichen Ölen korrelieren.

### PILZE

Die bisher wenig untersuchten Fruchtkörper



Brunnein A

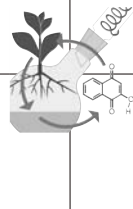
Höherer Pilze (Macromyceten) bilden eine Vielzahl von Sekundärmetaboliten mit großem biologischen Potential. Die Ständerpilzgattung *Cortinarius* (Haarschleierlinge) zählt mit ca. 4400 Epi-

theta zur größten Blätterpilzgattung. Es konnten vier neue  $\beta$ -Carbolinealkaloide isoliert und strukturell aufgeklärt werden: aus *C. brunneus* (Dunkelbrauner Gürtelfuß) die Brunneine A–C, und ein weiteres Derivat aktivitätsgeleitet aus *C. infractus* (Bitterer Schleimkopf). Die Brunneine sind für die grüne Fluoreszenz des Pilzfleisches von frisch gesammelten Fruchtkörpern unter UV-Licht (366 nm) verantwortlich. Auf Grund der strukturellen Ähnlichkeit mit Substanzen, die im Kampf gegen die Alzheimer-Krankheit eingesetzt werden, wurden die neuen  $\beta$ -Carbolinealkaloide in der Arbeitsgruppe *Screening* auf ihre Bioaktivität getestet.

### METABOLIC PROFILING UND SPEKTROSKOPIE/SCREENING

Im Rahmen des abteilungsübergreifenden Projektes *Eigenschaftsrelevante Metabolitencluster* wurden mit Untersuchungen am biologischen System der auf Röhrenpilze (Boletales) spezialisierten parasitären Pilze der Gattung *Sepedonium* (Goldschimmel) begonnen. Mit 2D-NMR-basierten Metabolomics-Methoden werden Änderungen im Sekundärmetabolitenspektrum untersucht, u. a. unter unterschiedlichen Kultivierungsbedingungen (z. B. *Sepedonium*-Sippen separat bzw. gemeinsam oder unter Zusatz von Boletales-Wirt-Extrakten).

Kulturen von *Sepedonium* spp. und Fruchtkörper der Blätterpilzgattung *Hygrophorus* spp. werden in diesem Zusammenhang sowohl mittels hochauflösender ESI-FTICR-MS als auch mit LC/MS<sup>n</sup>-Kopplung an einer Ionenfalle untersucht. Die pilzlichen Extrakte werden zudem auf ihre antibakterielle Aktivität getestet und massenspektrometrisch analysiert. Ziel ist es, zu erforschen, ob die



## AG CHEMOENZYMATIK

Leiter: Ludger Wessjohann & Wolfgang Brandt

Die Arbeitsgruppe 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 Reaktionsmechanismen. Unser spezielles Interesse gilt dabei den isoprenoidverarbeitenden Enzymen (Prenyltransferasen, Terpencyclasen, Steroidmodifikatoren) und pflanzlichen (Glycosyl-, Methyl-) Transferasen. Zusätzlich stellen die bearbeiteten Enzyme aber auch Studienobjekte für das Design von Inhibitoren dar.

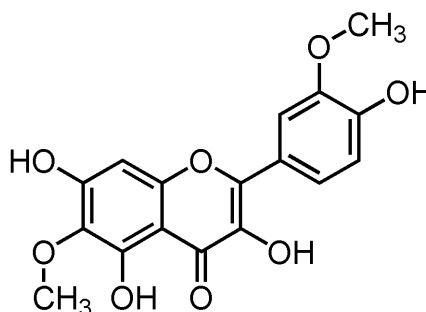
### ISOPRENOIDE

Aromatische Prenyltransferasen bilden die Grundlage für die Bildung vieler Meroterpenoide. Leider gibt es nahezu keine strukturellen Informationen über diese Enzymklasse. Für das Leitenzym ubiA-Transferase aus dem Ubichinonstoffwechsel konnte durch eine kombinierte Anwendung von ortsgerichteter Mutagenese, Assay, Bioinformatik und Modeling ein neues Modell mit einer höchstwahrscheinlich korrekten Faltung erstellt werden (siehe auch Arbeitsgruppe *Computerchemie*), welches alle bisherigen Meßergebnisse erklärt. Zusätzlich waren Versuche zur Ausweitung des Substratspektrums auf unnatürliche Pyrophosphate sehr erfolgreich. Analoge Versuche sind derzeit auf weitere aromatische Prenyltransferasen gerichtet.

Analog werden derzeit Terpensynthesen auf Struktur und Mechanismus hin untersucht. Die Modifikationen entsprechender Cyclasen aus *Cannabis sativa* (Kooperation mit Toni Kutchan) sind in Bearbeitung.

### PHENYLPROPANOIDE

Die früher erforschten neuen Synthesewege zu Benzopyranen konnten erfolgreich für die Synthese von Multigrammmengen eingesetzt werden. Diese Substanzen dienen wiederum als Substrate einer neuen biokatalytischen Methylierung, die in Zusammenarbeit mit Thomas Vogt aus der Abteilung *Sekundärstoffwechsel* sehr erfolgreich entwickelt wurde. Insgesamt können dadurch z. B. ungewöhnlich methylierte Flavonoide schnell synthetisiert werden.



Ein zweifach O-methyliertes Flavonoid.

### MITARBEITER

**Cristiano Bohn-Rhoden**

*Doktorand*

**Marco Dessoy**

*Postdoktorand*

**Stephanie Detsch**

*Studentin Staatsexamen*

**Gudrun Hahn**

*Technische Mitarbeiterin*

**Diana Schulze**

*Doktorandin*

**Roman Weber**

*Doktorand*

## 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 artifiziellen Variationen erlaubt die Klärung der Identität unsicher bestimmter Strukturen, eröffnet den Zugang zu ausreichenden Substanzmengen zum Erkunden der biologischen Eigenschaften oder zur weiteren Entwicklung. Derivate erlauben das Ausloten von Struktur-Eigenschafts-Beziehungen und liefern die Basis für neue Erkenntnisse, während Katalysatoren und Wirtsmoleküle als spezielle Werkzeuge in Chemie und Biologie entworfen und synthetisiert werden.

### MITARBEITER

**Muhammad Abbas**  
Postdoktorand

**Muhammad Ayaz**  
Doktorand

**Rayser Bosch Veliz**  
Doktorand

**Kristin Brand**  
Doktorandin

**Simon Dörner**  
Doktorand/Postdoktorand

**Tobias Draeger**  
Doktorand

**Otilie Eichler-Vercillo**  
Doktorandin

**Daniel Garcia-Rivera**  
Doktorand

**Matthäus Getlik**  
Diplomand

**Gergely Gulyas**  
Doktorand

**Michael Henze**  
Doktorand

**Oliver Kreye**  
Doktorand

**Fredy Leon-Reyes**  
Doktorand

**Martin Claudio Nin Brauer**  
Doktorand

**Orlando Pando-Morejon**  
Doktorand

**Angela Schaks**  
Technische Assistentin

**Gisela Schmidt**  
Technische Assistentin

**Alex Schneider**  
Doktorand

**Julia Sturm**  
Diplomandin

**Sumaira Umbreen**  
Postdoktorandin

### TUBULYSIN

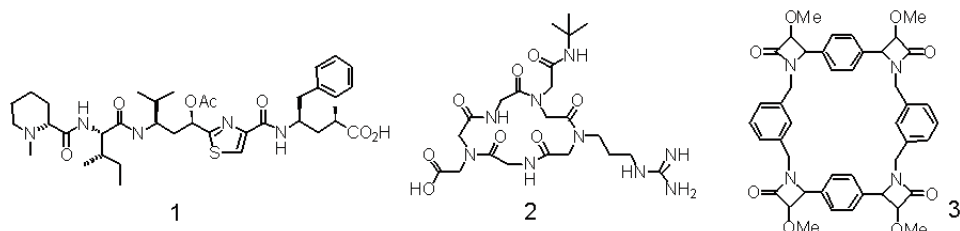
Bei der Behandlung von Krebskrankheiten spielen Mikrotubuli modifizierende Substanzen eine zunehmend wichtige Rolle. Teilungsvorgänge der Zelle, die bei Krebszellen sehr zahlreich sind, werden hierdurch unterbunden. Ein den Colchicin- und Vinca-Alkaloïden in seiner Wirkung ähnlicher Naturstoff, das Tubulysin (**1**), wurde nach seiner Isolierung (2003) jetzt durch die Arbeitsgruppe erstmalig synthetisch zugänglich gemacht. Tubulysin wirkt destabilisierend auf das Mikrotubuli-Netzwerk eukaryontischer Zellen. Die Wirkung der Tubulysine ist dabei so effektiv, dass weder das derzeit bedeutendste Krebsmedikament Taxol noch dessen Nachfolger Epothilon - beide wirken stabilisierend - die Depolymerisation der Mikrotubuli verhindern können. Die fermentative Herstellung von Tubulysin gelingt nicht mit verlässlicher Ausbeute. Somit ist die chemische Synthese derzeit die einzige Möglichkeit, dieses Produkt in ausreichenden Mengen zur Verfügung zu stellen, vor allem aber, um Derivate mit neuen Eigenschaftsprofilen zu erzeugen. Als Schlüsselschritt der erstmaligen Totalsynthese kam eine Multikomponentensynthese zum heterozyklischen Mittelfragment (Tubuvalin) zum Einsatz. Erste Struktur-Aktivitätsstudien ergaben, dass die Wirkung sehr eng mit der Konfiguration korreliert. Schon kleinste Änderungen führen zu einer starken Verminderung der biologischen Aktivität. Die synthetischen Erfolge und Computer-Modelling-Experimente eröffnen ausgezeichnete Möglichkeiten zum Verständnis des Tubulysins und weisen den Weg zu verbesserten Wirkstoffen.

### RGD-PEPTOIDE

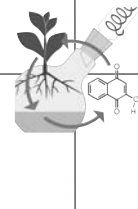
In den letzten Jahren sind in der Arbeitsgruppe *Synthese* die methodischen Grundlagen für die Herstellung von Makrozyklen mit peptoidischen Fragmenten mittels (sequentieller) Ugi-Reaktionen erarbeitet worden. In einer Anwendung konnte nun gezeigt werden, dass diese Mehrkomponentenreaktion sich eignet, in einer Sequenz von drei aufeinanderfolgenden Ugi-Reaktionen zyklische RGD-Peptide (**2**) in einer sehr kurzen und effizienten Abfolge herzustellen. RGD-Peptide sind häufig anzutreffende Bestandteile von Motiven in extrazellulären Erkennungsprozessen (z. B. Blutgerinnung) sowie von Inhibitoren (z. B. pflanzliche Proteinase-Inhibitoren); die Synthese von metabolisch stabilen Derivaten ist daher von besonderem Interesse.

### STAUDINGER-MIB

Die methodische Plattform, Makrozyklen durch multiple Multikomponentenreaktionen (MiB) aufzubauen, wurde neben der Ugi-Reaktion um weitere Reaktionen erweitert. In diesem Zusammenhang sind insbesondere die der Ugi-Reaktion verwandte Passerini-Reaktion sowie die Staudinger-Reaktion eingesetzt worden. Die Staudinger-Reaktion mit bifunktionellen Bausteinen führt zu Makrozyklen (**3**) mit vier  $\beta$ -Lactameinheiten. Die Reaktionen zu diesen Produkten können ebenfalls als Eintopfreaktionen durchgeführt werden und besitzen aufgrund ihrer einfachen Durchführbarkeit und Variabilität ein großes Entwicklungspotential.







## AG SPEKTROSKOPIE

Leiter: Andrea Porzel & Jürgen Schmidt

Die Arbeitsgruppe *Spektroskopie* beschäftigt sich mit der Identifizierung und Strukturaufklärung von Naturstoffen aus Pflanzen und Pilzen, mit Fragestellungen zum Metabolite Profiling 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 ebenfalls unterstützt. In Kooperation mit den anderen Abteilungen des IPB und externen Forschungsgruppen werden weitere analytische und strukturchemische Fragestellungen bearbeitet.

### METABOLITE PROFILING

Im Rahmen des abteilungsübergreifenden Projektes *Eigenschaftsrelevante Metabolitencluster* wurde mit Arbeiten zur MS- und NMR-spektroskopischen Charakterisierung von Rohextrakten und Vorfraktionen aus Pilzen der Gattung *Hygrophorus* (Schnecklinge) und Pilzkulturen verschiedener *Sepedonium*-Arten (Goldschimmel) begonnen. Es wurden geeignete Anzuchtbedingungen für die Pilzkulturen und Extraktionsmethoden entwickelt sowie die Messbedingungen für LC/MS<sup>n</sup>, ESI-FTICR-MS und NMR in Hinblick auf Metabolomics-Fragestellungen angepasst (Siehe auch Arbeitsgruppe *Naturstoffe*).

### NMR-SPEKTROSKOPIE

Die NMR-Spektroskopie wurde u.a. erfolgreich zur Strukturaufklärung einiger funktionalisierter Indol- und  $\beta$ -Carbolinderivate eingesetzt, die aus Pilzen der Gattung *Cortinarius* isoliert worden waren.

Das in der Arbeitsgruppe *Induzierte Pathogenabwehr* als Elicitor in Petersilie identifizierte Oligopeptid Pep-13 wurde NMR-spektroskopisch und chiroptisch untersucht. Alle <sup>1</sup>H-, <sup>13</sup>C- und <sup>15</sup>N-NMR-Signale konnten, in natürlicher Häufigkeit, zugeordnet werden. Die NOE-Korrelationen und vicinalen <sup>1</sup>H,<sup>1</sup>H-Kopplungskonstanten lieferten keine eindeutigen Hinweise auf eine Vorzugskonformation in wässriger Lösung.

Mit hochauflösender quantitativer <sup>13</sup>C-NMR-Spektroskopie konnte anhand der Carbonylsignale die Art, Position und Menge verschiedener Fettsäuren in Mono-, Di- und Triglyceriden afrikanischer Ölfrüchte bestimmt werden.

Der Datenbestand der 2D-NMR-Datenbank wurde durch berechnete HSQC-Spektren wesentlich erweitert.

### MASSENSPEKTROMETRIE

In Zusammenarbeit mit der Abteilung *Naturstoff-biotechnologie* wurden mittels ESI-FTICR-MS und tandem-massenspektrometrischen Methoden Profiling-Experimente von *Papaver*-Arten durchgeführt, so z. B. für die Charakterisierung einer Dehydrogenase/Reduktase der Morphin-Biosynthese. Ferner wurden diese beiden Methoden auch zur Charakterisierung von Produkten der Polyketidbiosynthese (z. B. eines Hexapyrons aus *Plumbago indica*) genutzt.

Tandem-massenspektrometrische Methoden unter Nutzung positiver und negativer Ionisierung konnten auch wesentlich zur Strukturaufklärung einiger Indol- und  $\beta$ -Carbolinderivate aus Pilzen der Gattung *Cortinarius* beitragen. In einem massenspektrometrischen Screening mittels LC/ESI-SRM (Selected Reaction Monitoring) wurden die  $\beta$ -Carbolinalkaloide Harman und Norharman in mehr als 30 *Hygrophorus*-Arten nachgewiesen. Damit wurden diese beiden Verbindungen als chemotaxonomische Marker für diese Pilzgattung identifiziert. Die LC/ESI-SRM-Methode wurde auch erfolgreich für die Quantifizierung von 12-Hydroxyjasmonsäure und deren 12-O-Glucosid eingesetzt (Zusammenarbeit mit Otto Miersch, IPB).

Darüber hinaus wurde die hochauflösende Elektrospray-FTICR-Massenspektrometrie u.a. auch zur Bestimmung der Elementarzusammensetzung für eine Vielzahl von synthetischen Verbindungen (z. B. Dendrimere mit Molekulargewichten von über 2000) und einer Reihe von Naturstoffen, so u. a. von Cholin-Abkömmlingen aus Raps und Arabidopsis sowie von Triterpenen aus *Gouania ulmifolia* eingesetzt.

### MITARBEITER

**Mark Haid**  
Doktorand

**Christine Kuhn**  
Technische Assistentin

**Martina Lerbs**  
Technische Assistentin

**Nico Mell**  
Diplomand

**Katharina Michels**  
Doktorandin

**Kristin Schmatloch**  
Diplomandin

**Maritta Stübe**  
Technische Assistentin

## AG SCREENING

Leiter: Norbert Arnold & Bernhard Westermann

### MITARBEITER

**Claudia Bobach**  
Doktorandin

**Stephanie Gulde**  
Doktorandin

**Manuela Krause**  
Diplomandin

**Monika Kummer**  
Technische Assistentin

**Martina Lerbs**  
Technische Assistentin

**Kristin Palberg**  
Diplomandin

**Jana Schurwanz**  
Diplomandin

**Sabrina Steinbach**  
Diplomandin

In der Arbeitsgruppe *Screening* werden biologische, chemische und virtuelle Assays durchgeführt, wobei dies nicht nur auf Projekte der *Abteilung Natur- und Wirkstoffchemie* beschränkt ist, sondern die Aktivitäten in Zusammenarbeit mit anderen Abteilungen des IPB und z.T. externen Partnern zu einer Kompetenzplattform ausgebaut werden sollen.

### BIOZIDE

Es wurde, z.T. in Kooperation mit anderen Abteilungen, damit begonnen, mehrere Assays mit phytopathogenen Pilzen und Oomyceten aufzubauen, die den bisher etablierten Test am Erreger der Gurkenkrätze um solche gegen Schädlinge von Kartoffel und Banane erweitert. Da oft eine Kreuzaktivität wie z.B. bei den früher gefundenen Hygrophoronen besteht, werden diese Assays durch weitere Assays mit grampositiven und gramnegativen Bakterien, sowie durch Untersuchungen zu möglichen algiziden Wirkungen ergänzt.

### NEURODEGENERATION, ALZHEIMER

**Biologisches Screening:** Die Inhibierung der Acetylcholinesterase (AChE) und der damit verbundene verringerte Abbau von Acetylcholin wird weltweit als eine vielversprechende Therapiemöglichkeit zur Verbesserung der Lebensumstände von Alzheimer-Patienten gesehen. Pflanzen mit ihrem großen Reservoir an Sekundärmetaboliten, werden seit ca. 30 Jahren als potentielle Quelle zur Behandlung dieser neurologischen Erkrankungen untersucht. Pilze fanden dagegen nur sehr wenig Beachtung. Daher wurden Rohextrakte von Macromyceten und Pflanzen getestet, wobei im Falle einer positiven Inhibierung der Acetylcholinesterase eine aktivitätsgeleitete Isolierung und nachfolgende Konstitutionsermittlung der aktiven Prinzipien erfolgte. Als Testsystem dienten chromogene Assays nach Ellman und Hostettmann. Die zwei unabhängigen Methoden erlauben es, falschpositive Werte aufgrund der Eigenfärbung der Extrakte zu minimieren. Bei den bisher getesteten pilzlichen Rohextrakten der Blätterpilzgattungen *Hygrophorus* (Schnecklinge) und *Cortinarius* (Schleierlinge) zeigten besonders die methanolischen Extrakte von *C. infractus* und *C. brunneus* eine inhibitorische Aktivität. Die verantwortlichen aktiven Prinzipien wurden isoliert und charakterisiert, wobei insbesondere 10-OH-Infractopicrin eine ähnliche Selektivität wie das als Präparat bereits im Handel befindliche Galanthamin aufweist.

**Virtuelles-Screening:** Zur Bestätigung der im biologischen Screening erhaltenen Ergebnisse wurde in der Arbeitsgruppe *Computerchemie*, ein Docking der Substanzen Infractopicrin und 10-OH-Infractopicrin

an der Bindestelle des Enzyms AChE durchgeführt. Für beide Substanzen resultierten ähnliche Fitness-Werte (Maß für die Affinität) wie für Galanthamin, was mit den experimentellen Ergebnissen übereinstimmt.

Zusätzlich wurde für beide Verbindungen die topologische polare Oberfläche und der Oktanol/ Wasser/Verteilungskoeffizient (logP) berechnet. Die entsprechenden Werte zeigen, dass es den Verbindungen möglich sein könnte, die Blut-Hirnschranke zu überwinden. Beide Substanzen erfüllen die Lipinski-Regeln für die Vorhersage guter pharmakokinetischer Eigenschaften.

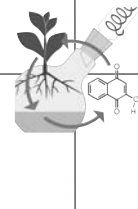
### HORMONAKTIVITÄT UND KREBS

Phytoestrogene (Siehe auch Arbeitsgruppe *Chemoenzymatik*), Phytosterole, Brassinosteroidoide und diverse Brassicaceen-Inhaltsstoffe sind wichtige pflanzliche Nahrungsbestandteile. Sie sind aber auch mit bioaktiven Substanzen verwandt, die eine Rolle beim menschlichen Hormonstatus und bei der Krebszellproliferation spielen. Daher wurden, z.T. in Industrieprojekten, mehrere derartige Reinsubstanzen sowie Extrakte und synthetische Derivate auf entsprechende Bioaktivität getestet. Dabei konnten sowohl Pflanzen mit entsprechenden Wirkstoffen, z.B. aus Äthiopien, identifiziert werden, als auch für bekannte Naturstoffe neue Wirkprofile erstellt werden. Dies wird ergänzt durch umfangreiches virtuelles Screening, Modeling der relevanten Rezeptoren und QSAR-Studien.

### CHEMISCHES SCREENING

Im Zusammenhang mit den Arbeiten zur Synthese von selektiven Bindemolekülen auf der Basis von Makrozyklen (Siehe Arbeitsgruppe *Synthese*) wurde untersucht, ob der Zusatz von Templaten nicht nur die Ausbeuten verbessert, sondern auch eine Abhängigkeit zur gebildeten Ringgröße besteht. Dieses Konzept konnte erfolgreich umgesetzt werden und ließ sich auch auf dynamische kombinatorische Bibliotheken (dynamische Selbstselektion des besten Binders) ausdehnen. Somit bieten sich Ansatzpunkte, Affinitätsmaterialien mit Naturprodukt-angelehnten peptoidischen oder weiteren funktionellen Einheiten zu synthetisieren.





## AG COMPUTERCHEMIE

Leiter: Wolfgang Brandt & Andrea Porzel

Die Arbeitsgruppe *Computerchemie* beschäftigt sich mit der theoretischen Analyse molekularer Strukturen und Reaktionsmechanismen im Bereich der Bioorganischen Chemie mittels Molecular Modeling, Quantenchemie und Bio- und Chemoinformatik. Diese Studien sollen zur Aufklärung und dem Verständnis chemischer Strukturen und Prozesse auf molekularer (atomarer) Ebene in chemischen und biologischen Systemen beitragen.

### MOLECULAR MODELING

Auf der Basis neuer experimenteller Befunde (Siehe Arbeitsgruppe *Chemoenzymatik*) und anhand einer strukturbasierten Klassifizierung prenylierender Enzyme konnte erstmals für eine membrangebundene aromatische Prenyltransferase, das ubiA-Enzym, ein relevantes Strukturmodell entwickelt werden. Zusammen mit der Arbeitsgruppe *Chemoenzymatik* wurden die Strukturen von zwei weiteren aromatischen Prenyltransferasen (Kooperation mit Lutz Heide, Universität Tübingen) modelliert und mittels *in silico* Screening mögliche natürliche Substrate vorhergesagt.

Die Analyse und Charakterisierung von Diphosphatbindestellen in Proteinen wurde fortgesetzt. Die Einordnung der prenylkonvertierenden Enzyme in den Gesamttraum der möglichen Diphosphat-Bindestellen stellt einen wichtigen Startpunkt für weitere Erkenntnisse bezüglich der Evolution dieser Enzymgruppe dar.

In Kooperation mit der Abteilung *Sekundärstoffwechsel* wurden Untersuchungen zu Substratspezifitäten und Mechanismen der enzymatischen Katalyse an verschiedenen Sinapoyltransferasen durchgeführt. Es konnte ein möglicher Mechanismus zur Bildung von Disinapoylglucose aufgezeigt werden.

Zusammen mit Birgit Dräger, MLU Halle, wurden Modelle von Tropinonreduktasen entwickelt. Hier konnte nicht nur die Substratspezifität des Enzyms auf molekularer Basis erklärt, sondern auch gezeigt werden, welchen Einfluß ein Hexahistidin-Tag am Carboxy-Ende des Proteins auf die katalytische Aktivität des Enzyms hat.

Eine Genexpressionsanalyse in *Papaver somniferum* führte zur Identifizierung eines neuen Biosynthesegens, welches eine O-Methyltransferase kodiert, die die Methylierung von Norreticulin katalysiert. Das entwickelte 3D-Modell des Pro-

teins konnte mittels Mutationen einzelner Aminosäuren überprüft und eine Veränderung der Substratspezifität beobachtet werden.

Systematische Vergleiche zur Charakterisierung der Substratspezifität von einigen Kernrezeptoren (Steroidrezeptoren, vgl. Arbeitsgruppe *Screening*) wurden fortgesetzt.

### CHEMOINFORMATIK

**Softwareentwicklungen:** Die Entwicklung und Testung neuer Methoden zur schnellen und zuverlässigen Substruktur- oder Ähnlichkeitssuche von Molekülen in großen Datenbanken wurden fortgesetzt. In diesem Zusammenhang wurden auch die chemoinformatischen Untersuchungen zu Naturstoffen fortgeführt. Es wurde im Rahmen einer Diplomarbeit eine neue Methode zur Sekundärstrukturvorhersage von Proteinen erfolgreich initiiert. Mit der Entwicklung eines datenbankgestützten Systems zur Verwaltung von Chemikalien (*Kleines-Instituts-Chemikalien-Kataster-System* - KICKS) wurde das Vorgängersystem CLAKS abgelöst.

**Analyse spektroskopischer Daten:** Im Rahmen des abteilungsübergreifenden Projektes *Eigenschaftsrelevante Metabolitencluster* wird an Informatikmethoden zur Analyse spektroskopischer Daten gearbeitet (Siehe auch Arbeitsgruppen *Screening* und *Naturstoffe*). Die Herausforderung dabei besteht darin, dass Spektren von Pilz-Rohextrakten automatisch analysiert werden sollen. Die MS- und NMR-Spektren solcher Rohextrakte sind gekennzeichnet durch eine starke Überlagerung der Signale einer Vielzahl einzelner Bestandteile. Für die Analyse solcher komplexer Daten wurden ursprünglich aus der Textanalyse stammende Informatikalgorithmen implementiert und weiterentwickelt. Eine erste erfolgreiche Anwendung dieser Modelle ist das Auffinden von ähnlichen Spektren sowie die Detektion von Einzelbestandteilen komplexer Mischungen auf

### MITARBEITER

**Susanne Aust**  
 Gastwissenschaftlerin

**Frank Broda**  
 Systemadministrator

**Andrea Brock**  
 Gastdoktorandin (MLU)

**André Gohr**  
 Doktorand

**Stephanie Gulde**  
 Doktorandin

**Tobias Heintz**  
 Doktorand

**Martin Jess**  
 Diplomand

**Robert Klein**  
 Diplomand

**Anna Carolin Meier**  
 Gastdoktorandin (MLU)

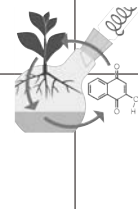
**Silke Pienkny**  
 Doktorandin

**Diana Schulze**  
 Doktorandin

## PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE

### PUBLIKATIONEN 2007

- Abbas, M., Westermann, B. & Voelter, W. Synthesis of 3,4-diaccharides from pyranoside and furanoside monomers, a novel class of potential bioactive disaccharides. *Arkivoc* **VII**, 329-334.
- Anderle, C., Hennig, S., Kammerer, B., Li, S. M., Wessjohann, L., Gust, B. & Heide, L. Improved mutasynthetic approaches for the production of modified aminocoumarin antibiotics. *Chem. Biol.* **14**, 955-967.
- Arnold, N., Schmidt, J., Kuhnt, C. & Wessjohann, L. Lukten hos naftalinskinnet, *Scytinostroma portentosum*. *Svensk Mykologisk Tidskrift* **28**, 49-53.
- Braga, A. L., Paixao, M. W., Westermann, B., Schneider, P. H. & Wessjohann, L. Aziridine-modified amino alcohols as efficient modular catalysts for highly enantioselective alkenylzinc additions to aldehydes. *Synlett* **18**, 917-920.
- Bräuer, L., Wessjohann, L. & Brandt, W. Modeling of a *Cannabis sativa* terpene synthase 161. *Protein Data Bank*, entry 2DK0.
- Dömling, A., Beck, B., Eichelberger, U., Sakamuri, S., Menon, S., Chen, Q. Z., Lu, Y. & Wessjohann, L. Total synthesis of tubulysin U and V. *Angew. Chem., Int. Ed.* **46**, 2347-2348.
- Garcia-Rivera, D., Pando, O., Suardiaz, R. & Coll, F. Studies on the regioselectivity of the Baeyer-Villiger reaction of 3-keto steroids: Conformational effects determine the migration aptitude. *Steroids* **72**, 466-473.
- Geissler, R., Brandt, W. & Ziegler, J. Molecular modeling and site-directed mutagenesis reveal the benzylisoquinoline binding site of the short-chain dehydrogenase/reductase salutaridine reductase. *Plant Physiol.* **143**, 1493-1503.
- Giacomelli, S. R., Maldaner, G., Stucker, C., Marasciulo, C., Schmidt, J., Wessjohann, L., Dalcol, I. I. & Morel, A. F. Triterpenoids from *Gouania ulmifolia*. *Planta Med.* **73**, 499-501.
- Hinneburg, A., Egert, B. & Porzel, A. Duplicate detection of 2D-NMR spectra. *J. Integrat. Bioinform.* **4**, 53.
- Iranshahi, M., Shaki, F., Mashlab, A., Porzel, A. & Wessjohann, L. Kopetdaghins A-E, Sesquiterpene Derivatives from the aerial parts and the roots of *Dorema kopetdaghense*. *J. Nat. Prod.* **70**, 1240-1243.
- Jelic, D., Mildner, B., Kostrun, S., Nujic, K., Verbanac, D., Culic, O., Antolovic, R. & Brandt, W. Homology modeling of human fyn kinase structure: discovery of rosmarinic acid as a new fyn kinase inhibitor and *in silico* study of its possible binding modes. *J. Med. Chem.* **50**, 1090-1100.
- Khine, M. M., Arnold, N., Franke, K., Porzel, A., Schmidt, J. & Wessjohann, L. Phytoconstituents from the root of *Streptocaulon tomentosum* and their chemotaxonomical relevance for separation from *S. juvenas*. *Biochem. Syst. Ecol.* **35**, 517-524.
- Kreye, O., Westermann, B. & Wessjohann, L. A stable, convertible isonitrile as a formic acid carbanion [-COOH] equivalent and its application in multicomponent reactions. *Synlett* **20**, 3188-3192.
- Michalik, D., Schaks, A. & Wessjohann, L. One-step synthesis of natural product-inspired biaryl ether-cyclopeptoid macrocycles by double ugi multiple-component reactions of bifunctional building blocks. *Eur. J. Org. Chem.*, 149-157.
- Nguyen, T. H. A. The chemical constituents of Vietnamese medicinal plant *Ophiopogon japonicus*. *Tap chi Phan tich Hoa* **9**, 59-64.
- Nguyen, T. H. A., Sung, T. V., Arnold, N. & Wessjohann, L. Chemical constituents of *Zizyphus sativa* Gaertn. fruits - III - Alkaloids. *Tap Chi Hoa Hoc* (Vietnamese J. Chem.) **45**, 237-240.
- Nguyen, T. H. A., Sung, T. V. & Wessjohann, L. Chemical constituents of *Zizyphus sativa* Gaertn. fruits - II - Triterpenoid acids. *Tap Chi Hoa Hoc* (Vietnamese J. Chem.) **45**, 110-113.
- Paixao, M. W., de Godoi, M., Rhoden, C. R. B., Westermann, B., Wessjohann, L., Lüdtke, D. S. & Braga, A. L. The application of chiral, non-racemic *N*-alkylephedrine and *N,N*-dialkylnorephedrine as ligands for the enantioselective aryl transfer reaction to aldehydes. *J. Mol. Catal. A: Chem.* **261**, 120-124.
- Rivera, D. G., Eichler-Vercillo, O. & Wessjohann, L. A. Combinatorial synthesis of macrocycles by multiple multicomponent macrocyclization including bifunctional building blocks (MiB). *Synlett* **18**, 308-312.
- Rivera, D. G. & Wessjohann, L. A. Synthesis of novel steroid-peptoid hybrid macrocycles by multiple multicomponent macrocyclizations including bifunctional building blocks (MiBs). *Molecules* **12**, 1890-1899.
- Schmidt, J., Boettcher, C., Kuhnt, C., Kutchan, T. M. & Zenk, M. H. Poppy alkaloid profiling by electrospray tandem mass spectrometry and electrospray FT-ICR mass spectrometry after [ring-<sup>13</sup>C]-tyramine feeding. *Phytochemistry* **68**, 189-202.
- Schneider, A., Brandt, W. & Wessjohann, L. A. Influence of pH and flanking serine on the redox potential of S-S and S-Se bridges of Cys-Cys and Cys-Sec peptides. *Biol. Chem.* **388**, 1099-1101.
- 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.* **274**, 406-417.
- Stehle, F., Brandt, W., Milkowski, C. & Strack, D. Structure determinants and substrate recognition of serine carboxypeptidase-like acyltransferases from plant secondary metabolism. *FEBS Letters* **581**, 164-165.



Teichert, A., Schmidt, J., Porzel, A., Arnold, N. & Wessjohann, L. Brunneins A-C,  $\beta$ -carboline alkaloids from *Cortinarius brunneus*. *J. Nat. Prod.* **70**, 1529-1531.

Teuber, M., Azemi, M. E., Namjoyan, F., Meier, A. C., Wodak, A., Brandt, W. & Dräger, B. Genes for putrescine N-methyltransferases - prediction of function and experimental tryout. *Plant Mol. Biol.* **63**, 787-801.

Thuy, T. T., Sung, T. V., Franke, K., Arnold, N. & Wessjohann, L. Flavonone-C-glycosides from the seeds of *Zizyphus jujuba* Mill. var. *spinosa* Hu. *Tap Chi Hoa Hoc* (Vietnamese J. Chem.), **45**, 1-8.

Thuy, T. T., Sung, T. V., Franke, K. & Wessjohann, L. Study on chemical composition of the seeds of *Zizyphus jujuba* Mill. var. *spinosa* Hu. *Tap chi Duoic lieu* **12**, 11-13.

Topcu, G., Herrmann, G., Kolak, U., Goren, A. C., Porzel, A. & Kutchan, T. M. Isolation of fatty acids and aromatics from cell suspension cultures of *Lavandula angustifolia*. *Nat. Prod. Res.* **21**, 100-105.

Wessjohann, L. A., Rivera, D. G. & Leon, F. Freezing imine exchange in dynamic combinatorial libraries with Ugi reactions: Versatile access to templated macrocycles. *Org. Lett.* **9**, 4733-4736.

Wessjohann, L. A., Schmidt, G. & Schrekker, H. S. The chromium(II)-mediated coupling of secondary alkylhalides with aromatic aldehydes. *Synlett* **13**, 2139-2141.

Wessjohann, L. A., Schneider, A., Abbas, M. & Brandt, W. Selenium in chemistry and biochemistry in comparison to sulfur. *Biol. Chem.* **388**, 997-1006.

Wessjohann, L. A. & Schrekker, H. S. Takai-Utimoto reactions of oxoalkylhalides catalytic in chromium and cobalt. *Tetrahedron Lett.* **48**, 4323-4325.

Westermann, B., Michalik, D., Schaks, A., Kreye, O., Wagner, C., Merzweiler, K. & Wessjohann, L. A. Natural product inspired meta/para-Biarylether lactam macrocycles by double Ugi multicomponent reactions. *Heterocycles* **73**, 863-872.

#### BUCHKAPITEL

Hinneburg, A., Porzel, A., Wolfram, K. An evaluation of text retrieval methods for similarity search of multidimensional NMR-spectra. In: *Lernen, Wissen, Adaption, Workshop Proceedings 24.9.-26.9.07* (Martin-Luther-Universität ed.), 282-289. ISBN 978-3-86010-907-6.

Wolfram, K., Porzel, A., Hinneburg, A. Similarity search for multi-dimensional NMR-spectra of natural products. In: *Bioinformatics research and development, 1st International conference, BIRD 2007*, Berlin, Deutschland, 424-438. ISBN 3-540-71232-1.

#### PUBLIKATIONEN IM DRUCK

Brock, A., Brandt, W. & Dräger, B. Evolution of an alkaloid biosynthetic enzyme - tropinone reductase of

*Cochlearia officinalis*, Brassicaceae. *The Plant J.*

Lang, I., Göbel, C., Porzel, A., Heilmann, I. & Feussner, I. A. lipoxygenase with linoleate diol synthase activity from *Nostoc sp.* *Biochem. J.* **410**, 347-358 (2008).

Meier, A. C., Brandt, W. & Dräger, B. Protein structure modeling indicates hexahistidine tag interference with enzyme activity. *Prot. Struct. Funct.*

Teichert, A., Lübken, T., Schmidt, J., Kuhnt, C., Porzel, A., Wessjohann, L., & Arnold, N. Determination of  $\beta$ -carboline alkaloids in fruiting bodies of *Hygrophorus spp.* using liquid chromatography/electrospray tandem mass spectrometry. *Phytochem. Anal.*

Wrenger, S., Faust, J., Mrestani-Klaus, C., Brandt, W., Thielitz, A., Neubert, K. & Reinhold, D. Effects of non-substrate peptides on enzymatic activity of dipeptidyl peptidase IV-like enzymes and on immune cell functions. *Frontiers in Bioscience.*

#### BUCHKAPITEL IM DRUCK

Hinneburg, A., Gabriel, H.-H., Gohr, A. Bayesian foling-in with dirichlet kernels for PLSI. *Seventh IEEE International Conference on Data Mining*. doi: 10.1109/ICDM.2007.15.

## 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*.

Die Arbeiten konzentrieren sich 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.

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-Profilierung 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 verschiedener Gräser, ist insbesondere als Gerstenpathogen weltweit von ökonomischer Bedeutung. Die Pilzhypen wachsen zwischen Cuticula und Epidermiszellen der Wirtsblätter, zunächst ohne makroskopisch sichtbare Krankheitssymptome hervorzurufen. Da die Epidermiszellwände nicht signifikant geschädigt werden, muss jede Kommunikation zwischen Pilz und Pflanze auf *Distanz-Faktoren* beruhen, die durch die pflanzlichen Zellwände diffundieren. Ziel der Arbeiten ist die Identifizierung von Signal- und Effektormolekülen des Pilzes und der Pflanze und ihrer Zielmoleküle, um Einblick in die Vorgänge zu erlangen, die für eine erfolgreiche Besiedelung der Pflanze durch den Pilz bzw. die Abwehr des Pilzes durch die Pflanze verantwortlich sind.

Zur Identifizierung von Pilzgenen, deren Proteinprodukte eine Rolle in unterschiedlichen für die Pathogenese relevanten Prozessen spielen könnten, werden verschiedene Ansätze verfolgt.

(1) Auf Pilz-Transformation beruhende Mutagenese-Strategien (Insertionsmutagenese, Promotor-Trapping) haben zur Identifizierung mehrerer Pathogenitätsgen-Kandidaten geführt. Eines dieser Gene kodiert einen mutmaßlichen Transkriptionsfaktor, ein weiteres eine Histidin-Proteinkinase. Die Funktion dieser Proteine bei der Regulation der pilzlichen Genexpression wird derzeit untersucht. Ein drittes Gen kodiert eine Intramembranprotease vom Rhomboid-Typ. Die Deletion dieses Gens führt zwar nicht zum Verlust der pilzlichen Pathogenität, verursacht aber einen bei anderen Pilzen als *fluffy* bezeichneten Entwicklungsphänotyp, der ebenfalls derzeit näher untersucht wird.

(2) Proteine, die vom Pilz *in planta* sezerniert werden, können als Kandidaten mit möglicher Bedeutung für die Interaktion betrachtet werden. Daher wurde ein bakterielles System etabliert, mit dessen Hilfe Gene identifiziert werden sollen, die Proteine mit sekretorischen Signalsequenzen (Sekretom) kodieren.

(3) Drei sezernierte Pilzproteine, die in Getreideblättern ähnliche Nekrosen wie der Pilz induzieren können, sind bereits seit langem bekannt. Es wurden nunmehr die entsprechenden Deletionsmutanten erzeugt, deren Untersuchung im Vergleich zum Wildtyp (Phänotyp, pflanzliche Genexpression) Hinweise auf die Funktion der Proteine als Virulenzfaktoren erwarten lassen.

Auf Pflanzenseite geht die Entwicklung sowohl von Resistenz als auch von Suszeptibilität mit Veränderungen im Genexpressions- und Proteinstil einher. Daher wurden vergleichende Transkriptom- und Proteom-Analysen nach Inokulation von Pflanzen mit verschiedenen Deletionsmutanten des Pilzes begonnen, die Aufschluss über den Einfluss der identifizierten Pilzgene und ihrer Produkte auf den Pathogeneseverlauf in der Wirtspflanze geben sollen. 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.

### MITARBEITER

**Jolly Basak**  
Postdoktorandin

**Andreas Kirsten**  
Diplomand

**Susanne Kirsten**  
Technische Assistentin

**Andrea Leitner**  
Doktorandin

**Claudia Mönchmeier**  
Doktorandin

**Sylvia Siersleben**  
Doktorandin

**Lisette Wirsing**  
Diplomandin

## AG ZELLULÄRE SIGNALTRANSDUKTION

Leiter: Dierk Scheel & Justin Lee

Wie alle höheren Organismen besitzen Pflanzen die Fähigkeit, Abwehrmechanismen gegen mikrobielle Infektionen zu aktivieren. Auf der zellulären Ebene beruht die Wahrnehmung der Pathogene auf rezeptorvermittelter Erkennung von pathogenabgeleiteten Signalen (Elicitoren oder MAMPs/PAMPs, microbe/pathogen-associated molecular patterns), wodurch ein komplexes Signaltransduktions-Netzwerk aktiviert wird. Unter anderem beinhaltet dieses eine transiente Erhöhung der cytosolischen Kalziumkonzentration und die Aktivierung von Ionenkanälen, Phospholipase-C, NADPH-Oxidase und verschiedener MAP-Kinasen (mitogen-activated protein kinases).

### MITARBEITER

**Gerit Bethke**  
Doktorandin

**Ulrike Bettmann**  
Diplomandin

**Mandy Birschwilks**  
Postdoktorandin

**Stefan Bornschein**  
Diplomand

**Franziska Handmann**  
Doktorandin

**Roland Hellmund**  
Diplomand

**Sylvia Krüger**  
Technische Assistentin

**Katja Kuhle**  
Diplomandin

**Ines Lassowskat**  
Diplomandin

**Kai Naumann**  
Postdoktorand

**Stefanie Ranf**  
Doktorandin

**Christel Rülke**  
Technische Assistentin

**Dirk Schenke**  
Postdoktorand

**Rita Schlichting**  
Doktorandin

**Claudia Spielau**  
Doktorandin

**Nicole Staroske**  
Doktorandin

**Tino Unthan**  
Doktorand

**Esther van der Zalm**  
Gastwissenschaftlerin

**Ivy Widjaja**  
Doktorandin

Obwohl Kalzium ein zentrales Element der Signaltransduktion darstellt, ist noch unbekannt, welche Proteine für den Elicitor-stimulierten Kalzium-Einstrom verantwortlich sind. Für Reis wurde beschrieben, dass der mutmaßliche Kalziumkanal TPC1 (two-pore channel 1) diese Funktion erfüllt (*Plant J.* 2005, **42**:798-809). In *Arabidopsis thaliana* ist dieser Kanal allerdings nicht an Kalzium-vermittelten Prozessen beteiligt, insbesondere nicht am Elicitor-stimulierten Anstieg der cytosolischen Kalziumkonzentration. Es wurde ein Mutantenscreen etabliert, mit dessen Hilfe Pflanzen detektiert werden können, die auf Elicitor-Behandlung mit einer veränderten Kalzium-Signatur reagieren. Dieser Hochdurchsatz-Screen ermöglicht es, mindestens 10.000 Einzelpflanzen im Monat zu überprüfen. Im Rahmen des DFG-Schwerpunktprogramms 1212 *Mikrobielle Umprogrammierung der Pflanzenzell-Entwicklung* soll die Antwort der resultierenden Mutanten auf MAMPs von Pathogenen und Symbionten wie *Piriformospora indica* miteinander verglichen werden.

Weil MAP-Kinasen nicht nur während der Pathogenabwehr aktiviert werden, sondern in viele Signalwege involviert sind, liegt einer der Schwerpunkte der Arbeitsgruppe in der Aufklärung der Signalspezifität dieser Proteinkinase-Kaskaden in *Arabidopsis thaliana*. Das Ziel ist, mit MAP-Kinasen interagierende Proteine, wie beispielsweise Gerüstproteine, und Substrate zu identifizieren. Dazu wurden transgene Pflanzen erzeugt, die mit Tandem-Affinitäts-Reinigungs-Markern versehene MAP-Kinasen exprimieren. Nach

Affinitäts-Aufreinigung der Proteinkomplexe werden interagierende Proteine über Massenspektrometrie sequenziert. Darüber hinaus lieferten ein Hefe-DiHybrid-Screen und ein *in vitro*-Protein-Array-Ansatz (Zusammenarbeit mit Joachim Uhrig, Köln und Birgit Kersten, Berlin) eine Reihe von potentiell interagierenden Proteinen und MAP-Kinase-Substraten. Die interessantesten Kandidaten werden über *in vitro*- und *in vivo*-Methoden verifiziert. Ein FRET-Assay (Fluorescence Resonance Energy Transfer) in *Arabidopsis*-Protoplasten wurde etabliert und dient als *in vivo*-Nachweis für Protein-Protein-Wechselwirkungen. Dadurch konnte die Interaktion zwischen der MAP-Kinase AtMPK6 und einem bislang unbekanntem *Ethylene Response Factor* (ERF) bestätigt werden, welcher vermutlich ein *in vivo*-Substrat für diese MAP-Kinase darstellt.

Mit einem Proteomics-Ansatz wurden Veränderungen in Proteinmustern bei Gen-für-Gen- und chemisch induzierter Resistenz im Modellsystem *Arabidopsis* untersucht. Die Analyse erfolgte über klassische zweidimensionale Gelelektrophorese und anschließende Identifizierung der Proteine mittels MALDI-TOF-MS (Matrix-Assisted Desorption Ionisation Time of Flight Mass Spectrometry). Mit Hilfe eines neuen LC-MS/MS Gerätes kann die Erfolgsrate bei der Proteinidentifizierung erhöht werden. Darüber hinaus ist dieses Gerät mit einer ETD-Funktion (Elektronentransferdissoziation) ausgestattet, sodass genaue Sequenzanalysen für posttranslationale Modifikationen (z.B. Phosphorylierungen oder Glykosylierungen)





## AG INDUZIERTE PATHOGENABWEHR

Leiter: Dierk Scheel & Sabine Rosahl

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 Untersuchung der PAMP (pathogen-associated molecular patterns)-vermittelten Abwehrreaktionen bei der Kartoffel im Vordergrund. In einem genetischen Ansatz sollen Gene aus Arabidopsis identifiziert werden, die an der Nichtwirtsresistenz gegen *P. infestans* beteiligt sind.

Der Oligopeptidelicitor Pep-13, ein PAMP aus Oomyceten, induziert in Kartoffelpflanzen Abwehrreaktionen wie die Akkumulation von Wasserstoffperoxid, Salicyl- und Jasmonsäure, sowie die Expression von Abwehrgenen und hypersensitiven Zelltod. Die Bedeutung von Salicylsäure und Jasmonsäure für die Pep-13-induzierte Pathogenabwehr wurde mit Hilfe transgener Pflanzen gezeigt, die reduzierte Mengen dieser Substanzen enthalten. So ist die Akkumulation von Wasserstoffperoxid und Jasmonsäure, sowie der hypersensitive Zelltod in Pflanzen stark reduziert, die aufgrund der Expression einer Salicylathydroxylase keine Salicylsäure akkumulieren können. Pflanzen, die RNA-Interferenz-Konstrukte gegen Jasmonsäure-Biosynthesegene exprimieren, akkumulieren keine Jasmonsäure und zeigen reduzierte Mengen an Wasserstoffperoxid sowie einen geringeren hypersensitiven Zelltod.

In Zusammenarbeit mit Uwe Sonnwald, Universität Erlangen-Nürnberg, wurden Microarray-Analysen durchgeführt, um die veränderte Genexpression von Jasmonsäure-defizienten Pflanzen nach Pep-13-Behandlung im Vergleich zu untransformierten Pflanzen zu erfassen. Es wurden eine Reihe von Genen identifiziert, die in den Jasmonsäure-defizienten Pflanzen nicht mehr durch Pep-13 induziert werden. Die Bedeutung dieser Gene soll durch Ausschalten ihrer Expression in Kartoffel und Tabak untersucht werden.

Nach Inokulation Salicylsäure-defizienter Kartoffelpflanzen mit *P. infestans* sind die Krankheits-symptome zwar zunächst ähnlich wie bei nicht transformierten Pflanzen, der Oomycet kann aber deutlich besser wachsen. Dies korreliert mit einer reduzierten Abwehrgenexpression und verminderter Kallosebildung der Salicylsäure-defizienten Pflanzen. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass Salicylsäure in suszeptiblen Pflanzen das Ausmaß der Infektion begrenzen kann.

Die Nichtwirtsresistenz von Arabidopsis gegen *P. infestans* beruht u.a. auf einer induzierbaren Abwehr an der Zellperipherie, die das Eindringen des Pathogens in Epidermiszellen verhindert. Die *pen2*-Mutante, die von Volker Lipka und Paul Schulze-Lefert (MPI Köln) isoliert wurde, zeigt eine erhöhte Zahl penetrierter Epidermiszellen und vermehrtes Wachstum des Oomyceten im Mesophyll, kann aber eine Besiedlung durch post-invasive Resistenzmechanismen verhindern. Um weitere Gene zu identifizieren, die für die Nichtwirtsresistenz gegen *P. infestans* von Bedeutung sind, wurde eine mutagenisierte *pen2*-Population hergestellt und auf Veränderungen in der Reaktion auf Infektion mit *P. infestans* analysiert. Von 70.000 untersuchten Pflanzen zeigten 14 unabhängige Mutanten einen verstärkten hypersensitiven Zelltod. Die in den als *erp* (enhanced response to *Phytophthora*) bezeichneten Mutanten betroffenen Gene werden zur Zeit identifiziert.

### MITARBEITER

**Simone Altmann**  
Doktorandin

**Lennart Eschen-Lippold**  
Doktorand

**Marina Häußler**  
Technische Assistentin

**Christoph Kattner**  
Diplomand

**Michaela Kopischke**  
Doktorandin

**Anja Kurth**  
Diplomandin

**Nadine Roth**  
Doktorandin

**Sebastian Schulze**  
Diplomand

**Ulrike Smolka**  
Technische Assistentin

**Angelika Weinel**  
Technische Assistentin

**Lore Westphal**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

## AG BIOINFORMATIK & MASSENSPEKTROMETRIE

Leiter: Steffen Neumann

### MITARBEITER

**Björn Egert**  
Doktorand

**Stefan Kuhn**  
Doktorand

**Yvonne Pöschl**  
Doktorandin

**Ralf Tautenhahn**  
Doktorand

**Die Arbeitsgruppe *Bioinformatik & Massenspektrometrie* beschäftigt sich mit der Entwicklung von Tools und Datenbanken speziell für die Auswertung von Metabolomics Experimenten.**

Die Arbeitsgruppe gehört mittlerweile zu den Autoren der BioConductor-Software XCMS, die primär zur Verarbeitung von LC-MS-Daten (Flüssigchromatographie-gekoppelte Massenspektrometrie) erstellt wurde. Im vergangenen Jahr konnte die Verarbeitung der hochgenauen FTICR-MS-Daten (Fourier-Transform-Ionenzyklotronresonanz-Massenspektrometrie) ebenfalls integriert werden. Durch dieses neue Peak Picking kann die Weiterverarbeitung und Interpretation der FTICR-MS-Daten ganz analog den LC-MS-Daten geschehen. Zusätzlich wurde auch eine angepasste Gruppierungsfunktion implementiert, die gleiche Peaks aus unterschiedlichen FTICR-Messungen einander zuordnet. Bislang bedeutete dieser Schritt aufwendige manuelle Sortierung.

Um auch weiterhin die besten Algorithmen in XCMS zu integrieren, wurde speziell für das Alignment von LC-MS-Messungen ein ausführlicher Vergleich von sowohl OpenSource wie auch kommerziell verfügbaren Programmen durchgeführt. Dafür wurde je ein *Gold-Standard*-Datensatz für Metabolomics und Proteomics erstellt. Verschiedene Algorithmen wurden genutzt und anhand der korrekten und falschen Zuordnungen bewertet. Das momentan am IPB verwendete XCMS-Alignment schneidet in der Regel unter den Besten ab, bei einer z.T. erheblich geringeren Laufzeit.

Für die Berechnung von Summenformeln aus MS-Peakmassen und -intensitäten wurde das Paket RDisop erstellt. Es baut auf Algorithmen auf, die in der Gruppe von Sebastian Böcker an der Universität Jena erstellt wurden. Im Oktober wurde RDisop in die offizielle Paketliste von BioConductor aufgenommen. Durch die Nutzung des BioConductor Frameworks kann z. B. die Abfrage von KEGG- oder PubChem-Daten mit Paketen anderer Autoren realisiert werden.

Tandem-MS- bzw. Ion Trap MS<sup>n</sup>-Spektren werden am Institut mit der ACD-Software verwaltet. Für die Präsentation in der Metabolomics Communi-

ty werden die Daten automatisch für die verteilte Datenbank *Massbank* aufbereitet. Dadurch ist die Suche nach Spektren institutsübergreifend möglich. In diesem Rahmen wurde eine weitergehende Kooperation mit dem RIKEN Plant Science Center initiiert.

Die Arbeiten mit Bayesnetzen zur Analyse von metabolischen Zusammenhängen in Metabolitdaten wurden fortgesetzt. Um der unterschiedlichen Konnektivität der Metabolite innerhalb der Netze Rechnung zu tragen, wurde zusätzliches Vorwissen in Form der Power-Law-Verteilung integriert. Dadurch werden zusätzliche Verbindungen an den wenigen, stark verbundenen Knoten nicht bestraft.

Aufbauend auf dem Datawarehouse Framework *Biomart* wurde für die vorverarbeiteten Daten die *MetHouse*-Datenbank entwickelt. Neben der einfachen Suche nach Signalen in Masse- und Retentionszeitfenstern wird auch eine Suche nach komplexen Signalmustern angeboten. Sowohl *MetArchive* als auch *MetHouse* sind als Datenquellen in den Workflow Editor *Taverna* eingebunden.

Im Rahmen des Projektes *Identifizierung eigen-schaftsrelevanter Metabolitencluster* wurde die Integration von MS- und NMR-Daten initiiert. Dazu wurde die Open Source Datenbank *NMRshiftDB* an die Besonderheiten von 2D-NMR Daten einerseits und für die Messung von komplexen Gemischen (etwa Pflanzenproben) andererseits, angepasst. Zusätzlich wurde der Import großer Substanzdatenbanken wie etwa KEGG COMPOUND oder Spresi realisiert. Dadurch ist es möglich, komplexe Datenbankabfragen lokal durchzuführen.

Alle Projekte innerhalb der Gruppe werden gezielt für die Metabolomics- und Massenspektrometrie-Experimente am IPB durchgeführt. Gleichzeitig werden die entwickelten Ressourcen direkt in der Metabolomics Community durch externe Anwender getestet, was wiederum den





## AG METABOLITE PROFILING

Leiter: Dierk Scheel

Pflanzen sind ständig wechselnden Bedingungen in ihrer Umwelt ausgesetzt wie z.B. Kälte, Hitze, Trockenheit, Schatten, hohen Salzkonzentrationen, Schwermetallbelastungen im Boden sowie einer Vielzahl von symbiontischen oder pathogenen Mikroorganismen und anderen Schädlingen. Pflanzen reagieren auf diese Stimuli mit der Bereitstellung von Proteinen, Peptiden und der Synthese eines riesigen Spektrums an niedermolekularen Verbindungen (Primär- und Sekundärmetaboliten). Verschiedene methodische Ansätze sind notwendig, um qualitative und quantitative Veränderungen im Pflanzen-Metabolom unter wechselnden Umweltbedingungen zu untersuchen. Als einer dieser Ansätze hat sich Metabolomics neben Transkriptomics (mRNA Profiling) und Proteomics (Protein Profiling) als dritter Eckpfeiler der funktionalen Genomanalyse etabliert.

Innerhalb der letzten Jahre wurde eine neue und innovative Plattform aufgebaut, die Flüssigchromatographie-gekoppelte Massenspektrometrie mit Elektrospray-Ionisation (LC-ESI-MS) nutzt und eine sinnvolle komplementäre Ergänzung zu bisherigen Profiling-Ansätzen darstellt. Diese Plattform erlaubt die robuste, reproduzierbare und sensitive Detektion von mehr als 2.000 Massensignalen in Pflanzenextrakten. Hierbei werden subtile Konzentrationsänderungen von vor allem Sekundärmetaboliten bestimmt, insbesondere auch von nichtflüchtigen, d. h. der Gaschromatographie-gekoppelten Massenspektrometrie (GC-MS) nicht zugänglichen Substanzen. Zusätzlich können mittels der genauen Massenbestimmung und Fragmentierungscharakteristika (stossinduzierter Zerfall) strukturelle Informationen gewonnen werden.

Innerhalb des Projektes erfolgte eine kontinuierliche Weiterentwicklung in Bezug auf Daten-Deconvolution, Data-Mining-Tools und Datenbanken. Es wurde ein Wechsel von kommerzieller Daten-Deconvolutions-Software zu einem frei verfügbaren Produkt (XCMS) vollzogen und diese ebenso wie die institutsübergreifende Profil/Spektren-Datenbank (ACD) durch die enge Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe *Bioinformatik und Massenspektrometrie* des IPB auf die Bedürfnisse der Profiling-Plattform angepasst. Die entwickelten Data-Mining-Tools für die ACD- und XCMS-Software wurden für die wissenschaftliche Öffentlichkeit unter folgenden Adressen frei zugänglich gemacht :

<http://msbi.ipb-halle.de/MetWare>

<http://www.bioconductor.org>

Der Schwerpunkt des Projektes wurde von *Arabidopsis thaliana* als Optimierungssystem auf die Analyse von Kulturpflanzen gelenkt, um hier das enorme Potential des Metaboliten-Profilings zur Verbesserung von kommerziell wichtigen Pflanzensorten zu verwenden. Die Übertragbarkeit des Profiling-Ansatzes auf ein Samen-System wurde mit Hilfe eines Proof-of-Principle-Experimentes überprüft. Die *tt4*-Mutante in *Arabidopsis thaliana* weist eine bekannte Blockade im Flavonoid-Stoffwechsel auf und eine damit verbundene fehlende Pigmentierung der Samenschale. Durch das Metaboliten-Profilings konnte nicht nur der zu erwartende Wegfall der Produkte des blockierten Stoffwechselweges (Kämpferol und seiner Derivate) bestätigt werden, sondern auch die Umleitung von Substraten in andere Synthesewege und die quantitative Zunahme von bisher in der Literatur nicht beschriebenen Substanzen.

Neben anderen Nutzpflanzen wie Paprika, Tomate, Kartoffel und Gerste konzentrierten sich die meisten Arbeiten der Gruppe auf die Analyse von Raps-Linien. Hier wurde in enger Kooperation mit der Abteilung *Sekundärstoffwechsel* transgener Raps untersucht, deren Gehalt an antinutritivem Sinapin reduziert wurde. Hierbei zeigte sich, dass die Veränderung der Transkriptionsrate eines einzelnen Enzyms massive Auswirkungen auf das Metabolom des Saatgutkorns nach sich ziehen kann.

### MITARBEITER

**Claudia Bernstein**  
Doktorandin

**Christoph Böttcher**  
Postdoktorand

**Frank Bretschneider**  
Doktorand

**Michaela Meißner**  
Technische Angestellte

**Edda von Roepenack-Lahaye**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

# UNABHÄNGIGE NACHWUCHSGRUPPE EXZELLENZNETZWERK

## AUXIN-SIGNALTRANSDUKTION

Leiter: Dr. Marcel Quint

Die unabhängige Nachwuchsgruppe wurde im Frühjahr 2007 ins Leben gerufen und ist Teil des Exzellenznetzwerkes für Biowissenschaften des Landes Sachsen Anhalt.

Das Phytohormon Auxin ist direkt oder indirekt in die Regulation nahezu aller entwicklungsbiologischen Prozesse in der Pflanze involviert. Das zentrale Forschungsthema unserer Nachwuchsgruppe ist die Regulation der pflanzlichen Antwort auf den Auxinstimulus. Eng damit verbunden ist das Ubiquitin-26S-Proteasom-System, welches eine Schlüsselrolle im Auxinsignalweg einnimmt. Die SCF<sup>TR1</sup> E3-Ubiquitinligase rekrutiert dabei eine Familie von transkriptionalen Repressorproteinen für den proteolytischen Abbau durch das 26S-Proteasom. Das ermöglicht Auxin-induzierte Genexpression, welche in der pflanzlichen Antwort auf das Auxinsignal resultiert. Über diesen Mechanismus steuert die Pflanze so vielfältige entwicklungsbiologische und physiologische Prozesse wie z.B. Embryogenese, vasculäre Differenzierung, Organogenese, Tropismen, sowie Wurzel- und Sprossarchitektur.

### MITARBEITER

**Carolyn Delker**  
Postdoktorandin

**Kathrin Denk**  
Technische Assistentin

**Valeska Hauptmann**  
Diplomandin

**Elke Hillert**  
Technische Assistentin

**Anja Raschke**  
Doktorandin

**Nadine Schumann**  
Doktorandin

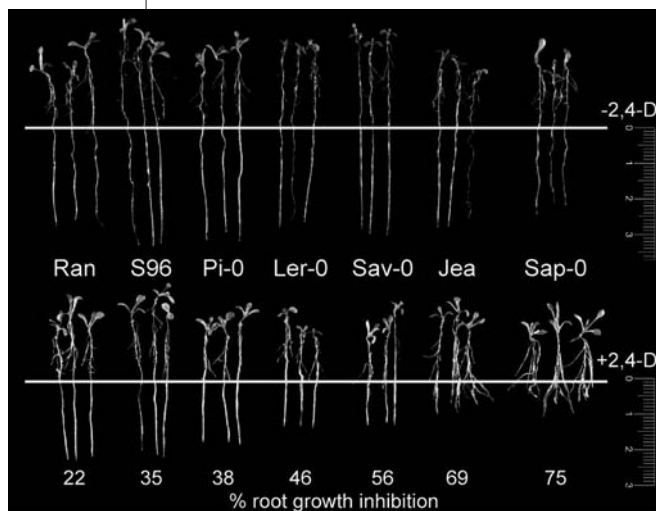
**Anja Serve**  
Diplomandin

Darüber hinaus interessieren wir uns generell für die Substratprotein rekrutierenden und damit Spezifität verleihenden Untereinheiten der E3-Ubiquitinligasen des SCF Typs, die sogenannten F-Box-Proteine. Sie enthalten C-terminale Protein-Protein-Interaktionsdomänen über die sie selektiv mit Substratproteinen interagieren, welche daraufhin polyubiquitiniert und vom 26S-Proteasom abgebaut werden. Mit ca. 700 Mitgliedern bilden die F-Box-Proteine eine der größten Gen-/ Proteinfamilien in *Arabidopsis thaliana*, wobei erst ca. 30 F-Box-Proteinen eine biologische Funktion zugeordnet werden konnte.

Daraus ergeben sich als mittel- und langfristige Ziele in unserer Nachwuchsgruppe die (i) Identifizierung neuer Komponenten des Auxinsignalweges, und (ii) die funktionale Charakterisierung

bislang unbekannter F-Box-Proteinfamilien. Für die Auxinprojekte verfolgen wir dabei eine Kombination von molekular- und quantitativ genetischen Ansätzen. In einem Suppressorscreen haben wir zahlreiche Mutanten identifiziert, die den Responsedefekt in der *tir1-1* Rezeptormutante aufheben und wieder Wildtypreaktionen auf Auxin zeigen. Map-based-Cloning dieser Mutanten hat gezeigt, dass es sich um eine Vielzahl unabhängiger Allele in einem Gen handelt, was eine Funktion im Transport von Auxinen nahelegt. Die genetische und biochemische Charakterisierung dieses Gens/Proteins wird im Vordergrund unserer zukünftigen Arbeiten in diesem Bereich stehen. Zusätzlich haben wir die natürliche genetische Variation innerhalb des Arabidopsis-Genpools in einer großen Kollektion von Ökotypen analysiert. Wurzelassays, die die Reaktion auf das synthetische Auxin 2,4-D evaluieren, demonstrieren eine große Spanne an natürlich vorkommender genetischer Variation (**Siehe Abbildung**). Hier wird in naher Zukunft die quantitative genetische Analyse der verantwortlichen Genomregionen sowie die Dissektion transkriptioneller Antworten auf Auxinstimuli in genetisch diversen Hintergründen im Mittelpunkt stehen.

Bezüglich der F-Box-Proteine beschäftigen wir uns mit der funktionellen Charakterisierung von phylogenetischen Untergruppen dieser Superfamilie. Im Anschluss an eine detaillierte Expressionsanalyse werden wir mittels reverser Genetik versuchen, die biologische Funktion der einzelnen F-Box-Proteine zu bestimmen, um parallel dazu in einem biochemischen Ansatz potentielle Substratproteine zu identifizieren.



Natürliche genetische Variation der Wurzel auf exogen appliziertes Auxin 2,4-D in sieben verschiedenen Arabidopsis Ökotypen.



## PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE

### PUBLIKATIONEN 2007

Birschwilks, M., Sauer, N., Scheel, D. & Neumann, S. *Ara - bidopsis thaliana* is a susceptible host plant for the holoparasite *Cuscuta spec.* *Planta* **226**, 1231-1241.

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.* **79**, 1507 – 1513.

Egert, B., Neumann, S. & Hinneburg, A. Fast approximate duplicate detection for 2D-NMR spectra. *Proceedings of DILS 2007. Lectures Notes in Computer Science* **4544**, ISBN 978-3-540-73254-9.

Eschen-Lippold, L., Rothe, G., Stumpe, M. Göbel, C. Feussner, I. & Rosahl, S. Reduction of divinyl ether containing polyunsaturated fatty acids in transgenic potato plants. *Phytochemistry* **68**, 797-801.

Forgan, A.H., Knogge, W. & Anderson, P.A. Asexual genetic exchange in the barley pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Phytopathology* **97**, 650-654.

Gaida, A. & Neumann, S. MetHouse: Raw and preprocessed mass spectrometry data. *Journal of Integrative Bioinformatics* **4**, doi:10.2390/biccoll-jib-2007-56.

Gust, A.A., Biswas, R., Lenz, H.D., Rauhut, T., Ranf, S., Kemmerling, B., Götz, F., Glawischnig, E., Lee, J., Felix, G. & Nürnberger, T. Bacteria-derived peptidoglycans constitute pathogen-associated molecular patterns triggering innate immunity in Arabidopsis. *J. Biol. Chem.* **282**, 32338-32348.

Halim, V.A., Eschen-Lippold, L., Altmann, S., Birschwilks, M., Scheel, D., Rosahl, S. Salicylic acid is important for basal defense of *Solanum tuberosum* against *Phytophthora infestans*. *Mol. Plant-Microbe Interact.* **20**, 1346-1352.

Kandath, P.K., \*Ranf, S., Pancholi, S.S., Jayanty, S., Walla, M.D., Miller, W., Howe, G.A., Lincoln, D.E. & Stratmann, J.W. Tomato MAPKs LeMPK1, LeMPK2, and LeMPK3 function in the systemin-mediated defense response against herbivorous insects. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **104**, 12205-12210.

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. 2007. *Lectures Notes in Computer Science* **4414**, 371-380. ISBN 978-3-540-71232-9

ten Hoopen, P., Hunger, A., Müller, A., Hause, B., Kramell, R., Wasternack, C., Rosahl, S. & Conrad, U. Immunomodulation of jasmonate to manipulate the wound response. *J. Exp. Botany* **58**, 2525-2535.

van't Slot, K.A.E., Gierlich, A. & Knogge, W. A single binding site mediates resistance- and disease-associated activities of the effectors protein NIP1 from the barley

pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Plant Physiology* **144**, 1654-1666.

### BUCHKAPITEL

Weigel, R.R. Salicylic Acid. In: Encyclopedia of life sciences. John Wiley & Sons, Ltd: Chichester <http://www.els.net>. doi: 10.1002/9780470015902.a0020137

### PUBLIKATIONEN IM DRUCK

Böttcher, C., Centeno, D., Freitag, J., Höfgen, R. Köhl, K., Kopka, J., Matros, A., Kroymann, J., Mock, H., Neumann, S., Pfälz, M., Roepenack-Lahaye, E., Schauer, N., Trenkamp, S., Zubriggen, M., Fernie, A.R., Teaching (and learning from) metabolomics: The 2006 PlantMetaNet ETNA Metabolomics Research School. *Physiologia Plantarum* **132**, 136-149 (2008).

Molendijk, A.J., Rupert, B., Singh, M.K., Dovzhenko, A., Ditengou, F.A., Milia, M., Westphal, L., Rosahl, S., Soellick, T.R., Uhrig, J., Weingarten, L., Huber, M., Palme, K. A cysteine-rich receptor-like kinase NCRK and a pathogen induced protein kinase RBK1 are Rop GTPase interactors. *Plant J.* **53**, 909-923 (2008).

Oldach, K.H., Baumann, U. Shirley, N. Knogge, W. & Langridge, P. Identification of resistance-related genes in barley upon inoculation with *Rhynchosporium secalis* using a subtraction-enriched cDNA microarray. *Physiol. Mol. Plant Pathol.*

Ranf, S., Wünneberg, P. Lee, J., Becker, D., Dunkel, M., Hedrich, R., Scheel, D. & Dietrich, P. Loss of the vacuolar cation channel, AtTPC1, does not impair Ca<sup>2+</sup> signals induced by abiotic and biotic stresses, *Plant J.* **53**, 287-299 (2008).

\* Dr. Stefanie Ranf arbeitet seit Januar 2005 am IPB. Die hier aufgeführte Publikation beruht auf Arbeiten, die sie an der University of South Carolina durchgeführt hat.

## ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL

Leiter: Professor Dieter Strack

Sekretärin: Ildikó Birkás

**P**flanzen produzieren eine unermessliche Fülle sekundärer Inhaltsstoffe, deren Funktionen und evolutive Entstehung 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 Hydroxyzimtsäure (HCA)-Transferasen und HCA-Glucosyltransferasen (Arbeitsgruppe *Phenylpropanstoffwechsel*) sowie Kationen-abhängige O-Methyltransferasen (Arbeitsgruppe *Metabolite Profiling & Enzymbiochemie*) aus Arabidopsis und Raps untersucht. Wesentliche Ziele dieser Arbeiten sind die Ermittlung der Struktur-Funktionsbeziehungen der Enzyme und die Aufklärung des evolutionären Ursprungs der kodierenden Gene. Außer den bereits von uns beschriebenen Serincarboxypeptidase-abgeleiteten HCA-Transferasen konnten Esterasen, die den Abbau der Brassicaceen-spezifischen Samenkomponente Sinapin (Sinapoylcholin) katalysieren, und eine Chlorogensäure (Kaffeoylchinasäure)-abhängige Kaffeoyltransferase als GDSL-Lipasen klassifiziert werden. Durch Strukturmodellierungen der HCA-Transferasen konnten erste molekulare Vorstellungen über die Substratspezifitäten dieser Enzyme gewonnen werden. Die Kristallisation einer O-Methyltransferase aus dem Eiskraut ermöglichte die Aufklärung der dreidimensionalen Struktur und der Substratwechselwirkungen des Enzyms. In gentechnologischen Arbeiten an Raps (Arbeitsgruppe *Phenylpropanstoffwechsel*) ist es gelungen, durch Transformation mit einem dsRNA-Konstrukt die Expression einer HCA-Glucosyltransferase zu supprimieren, was zu einer drastischen Absenkung des Gehalts an antinutritiven phenolischen Sameninhaltsstoffen führte. Die Arbeitsgruppe *Metabolite Profiling & Enzymbiochemie* untersucht parallel dazu 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 Arbeitsgruppe *Zellbiologie der Mykorrhiza* wird die Rolle von Phytohormonen (Jasmonate) und von Veränderungen im Kohlenhydrat-Status in einer mutualistisch-symbiontischen Wurzel-Pilz-Interaktion, der arbuskulären Mykorrhiza, untersucht. Die Arbeiten über die Rolle von Jasmonaten werden erweitert durch Untersuchungen zur Adventivwurzel-Bildung bei der Stecklingsvermehrung von Petunien. Die Arbeitsgruppe *Molekulare Physiologie der Mykorrhiza* untersucht die Biosynthese und den Abbau von Carotinoiden in mykorrhizierten Wurzeln sowie die physiologische Rolle der akkumulierenden Apocarotinoide. Weiterhin wird in dieser Arbeitsgruppe die Evolutionsgeschichte des DXS2-Gens und seiner Bedeutung in der Biosynthese von sekundären Isoprenoiden untersucht. Die Arbeiten beider Gruppen werden durch umfassende Analysen der Veränderungen des Primär- und Sekundärstoffwechsels (Metabolite Profiling) verstärkt und sollen dazu beitragen, molekulare Mechanismen aufzuklären, die die Entwicklung und die erfolgreiche Etablierung der arbuskulären Mykorrhiza steuern.



## AG PHENYLPROPANSTOFFWECHSEL

Leiter: Dieter Strack & Carsten Milkowski

Im Mittelpunkt der Arbeiten steht der Stoffwechsel der Sinapinsäureester in Brassicaceen. Durch gentechnische Ansätze zur Reduktion des antinutritiven Sinapins werden Targetgene für die Pflanzenzüchtung identifiziert. Diese Gene werden in Bezug auf ihre Kopienzahl im *Brassica napus*-Genom und ihre Expression charakterisiert. In einem Metabolite-Profilings-Ansatz werden verschiedene Rapsorten auf den Gehalt an Sinapateestern untersucht. In *Arabidopsis thaliana* wird die Rolle von Sinapinsäure-Glucosyltransferasen in der Stressreaktion der Pflanze, insbesondere bei UV-Stress, analysiert. Molekulare Mechanismen der funktionellen Adaptation von Enzymen werden am Beispiel von Acyltransferasen des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels untersucht, die zu Peptidhydrolasen des Primärstoffwechsels homolog sind.

Durch die Überexpression der Sinapinesterase (BnSCE3) unter der Kontrolle des samenspezifischen napin-Promotors in *A. thaliana* konnte eine Reduktion des Sinapingehaltes der Samen um 95% erzielt werden. Weiterhin konnte die BnSCE3 als GDSL-Lipase charakterisiert werden. Durch die samenspezifische Suppression der UDP-Glucose:Sinapinsäure-Glucosyltransferase (*UGT84A9*) in *B. napus* konnte gezeigt werden, dass deren Expression entscheidend für die Biosynthese diverser Sinapatester ist. Im Genom von *B. napus* cv. *Express* konnten vier Kopien dieses Gens identifiziert werden (*UGT84A9a-d*). Durch Genexpressionsstudien wurden *UGT84A9a* und *-b* als hauptsächlich im Rapsamen exprimierte Gene identifiziert. Auf der Suche nach weiteren Targetgenen wurden RNAi-Vektoren zur samenspezifischen Suppression von Genen, die für Enzyme des Phenylpropanoidstoffwechsels kodieren (*C4H*, *CST/CQT*, *C3H*, *F5H*, *SALDH/CALDH*), konstruiert. Auswirkungen dieser Suppressionen sollen sowohl in *A. thaliana* als auch in *B. napus* untersucht werden. In einem parallelen Ansatz wurden Samen verschiedener Zuchtsorten und transgener Rapslinien mit reduziertem Sinapingehalt hinsichtlich metabolischer Unterschiede analysiert. Die Suppression des Gens *UGT84A9* sowie die simultane Suppression der Gene *UGT84A9* und *BnSCT1* führten zu einer starken Absenkung von Sinapateestern.

UV-B-Strahlung induziert die Expression der *UGT84A4*-Gene in *A. thaliana*. Sinapatester

scheinen jedoch vor allem für den kurzzeitigen Schutz von Bedeutung zu sein, während Flavonoide als Schutz gegenüber längerfristigem Einwirken von UV-B-Strahlung fungieren. In Zusammenarbeit mit dem Forschungszentrum für Umwelt und Gesundheit München (GSF) wird nach Applikation von radioaktiv markiertem Phenylalanin untersucht, welche Biosynthesewege im Phenylpropanstoffwechsel unter UV-B-Stress bevorzugt induziert werden und wo die Produkte lokalisiert sind.

Anhand eines Homologie-Stukturmodells der Sinapoylglucose:Malat-Sinapoyltransferase (SMT) aus *A. thaliana* konnten erste Einblicke gewonnen werden, welche molekularen Veränderungen den Wechsel einer Peptidhydrolase hin zu einer Acyltransferaseaktivität ermöglichten. Ferner wurde die Sinapoylglucose: Cholin-Sinapoyltransferase (SCT) aus Raps als weiteres Modellprotein für SCPL-Acyltransferasen etabliert. Die Expression der SCT in *B. napus* ist samenspezifisch. Promotor-Deletionsanalysen werden durchgeführt, um putative *cis*-Elemente zu identifizieren. Außerdem soll die Interaktion mit samenspezifischen Transkriptionsfaktoren untersucht werden. Für die Charakterisierung von weiteren Hydrolase-varianten Acyltransferasen wurde die Chlorogensäure:Glucarsäure-Caffeoyltransferase (CGT) aus Tomate kloniert und die transiente Expression in Tabak etabliert.

### MITARBEITER

**Alfred Baumert**  
 Wissenschaftlicher Mitarbeiter

**Kathleen Clauß**  
 Doktorandin

**Claudia Horn**  
 Technische Assistentin

**Jessica Leuchte**  
 Doktorandin

**Dirk Meißner**  
 Doktorand

**Juliane Mittasch**  
 Doktorandin

**Ingrid Otschik**  
 Technische Assistentin

**Felix Stehle**  
 Doktorand

**Jenny Teutschbein**  
 Doktorandin

**Sylvia Vetter**  
 Technische Assistentin



# AG MOLEKULARE PHYSIOLOGIE DER MYKORRHIZA

Leiter: Michael H. Walter

Die Aufklärung der Rolle induzierter Apocarotinoide in der arbuskulären Mykorrhiza (AM) steht weiter im Zentrum der Arbeiten. Hierzu werden mit Hilfe der RNAi-Technik in *Medicago truncatula* verschiedene Biosynthesegene in ihrer Expression unterdrückt. Primäres Zielgen ist die 1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Synthase 2 (*DXS2*), ein AM-reguliertes Isogen des Methylerythritolphosphat(MEP)-Wegs. Die Bedeutung von *DXS2*-Genen außerhalb der AM wird in Tomate untersucht. Ferner wird die Evolutionsgeschichte von *DXS2*-Genen mittels Untersuchung von Gymnospermen und Niederen Pflanzen bearbeitet.

## MITARBEITER

**Daniela Floß**  
Doktorandin

**Jessica Leuchte**  
Doktorandin

**Kerstin Manke**  
Technische Assistentin

**Heike Paetzold**  
Doktorandin

Die Biosynthese von Apocarotinoiden (Spaltprodukte von Carotinoiden) kann in mehrere Abschnitte eingeteilt werden: (i) Bereitstellung von C<sub>5</sub>-Vorläufermolekülen durch den MEP-Weg; (ii) spezifische Biosynthese von C<sub>40</sub>-Carotinoiden aus den C<sub>5</sub>-Vorläufern; (iii) enzymatische Spaltung von C<sub>40</sub>-Carotinoiden durch regioselektive Dioxygenasen (CCDs). Für den ersten Schritt des MEP-Weges, katalysiert durch die 1-Desoxy-D-xylulose-5-phosphat-Synthase (*DXS*), existieren in fast allen bisher untersuchten Höheren Pflanzen zwei Isogene. Nur das Isogen *DXS2* wird durch die AM und durch weitere biotische Interaktionen aktiviert. Es stellt daher ein attraktives Zielgen für eine spezifische Beeinflussung der Biosynthese der sekundären Isoprenoide dar, um deren ökologische Bedeutung in der arbuskulären Mykorrhiza aufzuklären.

Die Unterdrückung der *DXS2*-Expression in mykorrhizierten hairy roots von *M. truncatula* ergab eine signifikante Reduktion der Apocarotinoid-Bildung (Cyclohexanon- und Mycorradicinderivate) im Vergleich zu Kontrollpflanzen (leerer Vektor). Dieser Effekt trat bereits bei moderat verminderter Transkriptmenge des *DXS2*-Gens auf. Parallel dazu wurde eine Anhäufung älterer Arbuskelstadien beobachtet. Arbuskel sind Stoffaustauschorgane der AM-Pilze innerhalb der Wurzelzelle, über die Phosphat aufgenommen wird. Sie haben nur eine Lebensdauer von sieben bis zehn Tagen und unterliegen einer ständigen Erneuerung. Die Bedeutung dieses Generationswechsels der Arbuskel für eine normales Funktionieren der AM ist bisher unbekannt. Eine stark verminderte Transkriptmenge der *DXS2* führte zu wei-

teren, wesentlich deutlicheren Veränderungen in der AM. *MtPT4*, ein AM-spezifisches Phosphattransportergen und molekularer Marker für physiologisch aktive Arbuskeln, wies eine stark verminderte Transkriptakkumulation auf. Eine Transkriptomanalyse mittels Mikroarrays zeigte eine Umkehrung normaler AM-vermittelter pflanzlicher Geninduktions- und Repressionsmuster. Dies wird dahingehend interpretiert, dass trotz vorhandener Pilzstrukturen in der Wurzel, diese von der Pflanze offensichtlich als physiologisch inaktiv wahrgenommen werden und ein Verlust der Mykorrhizafunktionalität stattfindet. Auch die Unterdrückung der Expression eines Carotinoidspaltungsenzyms (*CCD1*) zeigte veränderte Apocarotinoidmuster.

Außerhalb der Mykorrhiza wird eine Rolle der *DXS2* u.a. in der Biosynthese sekundärer Isoprenoide in Trichomen postuliert. Isolierte Trichome aus Tomatenblättern zeigten eine deutliche Anreicherung von *DXS2*-Transkripten im Vergleich zu Material aus gesamten Blättern. Zur Untersuchung der Bedeutung von *DXS2* in Trichomen werden derzeit stabil transformierte Tomatenpflanzen generiert, die verminderte *DXS2*-Transkriptniveaus aufweisen.

Der Evolutionsaspekt wird in der Fichte (*Picea abies*) und im Moos *Physcomitrella patens* bearbeitet. In *P. abies* wurden, neben einem *DXS1*-Gen, zwei unterschiedliche Gene vom *DXS2*-Typ identifiziert, die beide durch umweltabhängige Stimulanzien reguliert werden. In *P. patens* liegen vier verschiedene, strukturell aber fast identische *DXS*-Gene vor.



## AG ZELLBIOLOGIE DER MYKORRHIZA

Leiterin: Bettina Hause

**Zellbiologische Aspekte bei Ausbildung der arbuskulären Mykorrhiza (AM) bilden einen Fokus unserer Arbeiten. Hierbei werden mittels reverser Genetik die mögliche Funktion von Jasmonsäure (JA) sowie die Auswirkungen eines veränderten Kohlenhydratstatus analysiert. Weiterhin wird die Rolle von Jasmonaten bei der Ausbildung von Adventivwurzeln in der Stecklingsvermehrung von Petunie untersucht. Ergänzt werden diese Ansätze durch die Entwicklung von Methoden, die eine zell- und gewebe-spezifische Detektion von Jasmonaten ermöglichen sollen.**

Zur Aufklärung der Funktion von JA in der Interaktion von *Medicago truncatula* mit *Glomus intraradices* wurde der endogene JA-Gehalt der Wurzeln durch die transgene Expression der cDNA der Allenoxydyclase (AOC), dem Schlüsselenzym der JA-Biosynthese, moduliert. Verringerungen des JA-Gehaltes hatten eine verringerte Mykorrhizierung der Pflanzen zur Folge. Die Analyse des Transkript-Profiles der transgenen Wurzeln zeigte Veränderungen der Transkriptakkumulation, die eine regulatorische Rolle der JA in der Mykorrhizierung nahe legen. Außerdem wurden transgene mykorrhizierte Wurzeln hinsichtlich der Akkumulation von Sekundärstoffen untersucht und zeigten signifikante Änderungen insbesondere im Gehalt von Isoflavonoiden.

Ein wichtiges Merkmal der AM ist die Versorgung des Pilzes mit Kohlenhydraten durch die Pflanze. Pflanzlichen apoplastischen Invertasen wird dabei eine regulatorische Rolle zugeschrieben; ihre Aktivität ist in mykorrhizierten Wurzeln im Vergleich zu nicht-mykorrhizierten Wurzeln erhöht. Eine zusätzliche Erhöhung ihrer Aktivität in der Wurzel mittels transgener Ansätze und eine damit einhergehende Erhöhung des Hexose-Saccharose-Verhältnisses hatte jedoch keinen Einfluss auf die Mykorrhizierung, während eine Verringerung der Hexose-Versorgung des Pilzes eine Verringerung der Mykorrhizierung verursachte. Überraschenderweise führte eine moderate Erhöhung der apoplastischen Invertaseaktivität in den Blättern zu einer verbesserten Mykorrhizierung, die sich mit einer veränderten Sekundärstoff- und Abscisinsäure-Akkumulation in den Wurzeln korrelieren ließ.

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; eine Funktion der JA in diesem Prozess ist wahrscheinlich. Es wurde eine AOC-cDNA aus *Petunia hybrida* isoliert und das entsprechende Enzym, die PhAOC, hinsichtlich der Akkumulation auf Transkript- und Proteinebene sowie in seiner Aktivität analysiert. Ausgehend von der cDNA erfolgte die Aufklärung der Genstruktur der PhAOC. Die putative Promotorsequenz wurde identifiziert und zur Herstellung eines PhAOC::GUS-Konstrukts für die *in planta*-Analyse der Promotoraktivität verwendet. Funktionelle Ansätze zur Rolle von JA in der Adventivwurzelbildung (Modulation des JA-Gehaltes durch Suppression bzw. Überexpression der PhAOC) sind durch die Herstellung der entsprechenden Vektorkonstrukte vorbereitet.

Um die Funktion von JA innerhalb eines Gewebes zu ermitteln, ist es erforderlich, diese auf zellulärer Ebene zu detektieren. Dies ist bisher nur über indirekte Ansätze (Lokalisierung von JA-Biosynthese-Enzymen und von JA-induzierten Proteinen) möglich. Ausgehend von den Promotoren der AOC2 und AOC3 von *Arabidopsis thaliana* soll ein JA-spezifisches, cis-regulatorisches Element isoliert und zur Konstruktion eines synthetischen Promotors genutzt werden. Erste Deletionskonstrukte wurden generiert und sowohl im transienten Transformationssystem (*Arabidopsis*-Protoplasten) als auch nach stabiler Transformation von Pflanzen getestet.

### MITARBEITER

**Susann Gürder**  
Diplomandin

**Valeska Hauptmann**  
Diplomandin

**Jan Heumann**  
Diplomand

**Zakir Hossain**  
Postdoktorand

**Ulrike Huth**  
Technische Assistentin

**Daniela Kleen**  
Diplomandin

**Sandra Lischewski**  
Doktorandin

**Kati Mielke**  
Doktorandin

**Cornelia Mrosk**  
Doktorandin

**Thomas Richter**  
Diplomand

**Sara Schaarschmidt**  
Doktorandin

**Hagen Stellmach**  
Technischer Assistent

**Carola Tretner**  
Wissenschaftliche Mitarbeiterin

## AG METABOLITE PROFILING & PROTEINBIOCHEMIE

Leiter: Willibald Schliemann & Thomas Vogt

### MITARBEITER

**Jörg Augustin**  
Diplomand

**Christin Fellenberg**  
Diplomandin

**René Geißler**  
Doktorand

**Anja Henning**  
Technische Assistentin

**Dagmar Knöfel**  
Technische Assistentin

**Barbara Kolbe**  
Technische Assistentin

**Jakub Kopycki**  
Gastwissenschaftler

**Karina Wolfram**  
Doktorandin

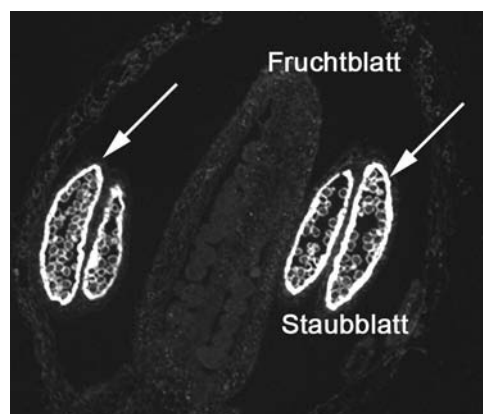
Die apparente Redundanz modifizierender Enzyme im Sekundärstoffwechsel der Pflanzen, verbunden mit ihren chemischen Eigenschaften und ihrer *in vivo*-Funktion, ist für unsere Arbeitsgruppe von zentralem Interesse. Unterschiede in der Zusammensetzung der Sekundärmetabolite sollten auch im Proteom sichtbar sein. Zwei Multigenfamilien, die Kationen-abhängigen O-Methyltransferasen (CCoAOMTs) und die Glycosyltransferasen (GTs), werden in den Modellpflanzen Arabidopsis und Raps untersucht. Dabei sind insbesondere die reproduktiven Organe wie Blüten, Schoten und Samen von Interesse.

Die proteinbiochemischen Eigenschaften einzelner Vertreter der O-Methyltransferasen und Glycosyltransferasen sind im Laufe der letzten Jahre bis auf die Ebene der 3D-Strukturen beschrieben worden. Neben der Analyse und Modifizierung der Substratspezifität durch gezielte Mutagenese und Domain-Swapping im Falle der pflanzlichen CCoAOMTs konnte zuletzt auch die ungewöhnliche Positionsspezifität eines prokaryotischen CCoAOMT-ähnlichen Proteins auf Ebene der 3D-Struktur geklärt werden. Das Enzym aus der Blaualge *Synechocystis spec.* methyliert vicinale aromatische Dihydroxylgruppen zahlreicher Verbindungen in *para*- anstatt wie bei Eukaryoten üblich, in der *meta*-Position.

In Arabidopsis liegen die CCoAOMTs in einer kleinen Genfamilie mit sieben Vertretern vor, die gewebespezifisch transkribiert werden. Eines dieser Gene wird dabei nur in Blüten exprimiert. Das entsprechende Protein wurde aktiv aus *E. coli* gewonnen und die Präferenz für Kaffeoylglucose und Chlorogensäure dokumentiert. Mit quantitativer PCR und Antikörpern

gelang der Nachweis der RNA und des Proteins im Tapetum junger Staubblätter vor der Dehiszenz. Transkript und Protein treten nicht, wie sonst üblich, in vaskulären Geweben des Filaments oder des Konnektivs auf. Das Enzym ist zudem, im Gegensatz zu allen bekannten CCoAOMT-ähnlichen Proteinen, an der Biosynthese von neuartigen Polyaminkonjugaten beteiligt, wie sie u.a. in der Pollenexine, speziell im Pollenkit vorkommen. Die Aufklärung der Funktion dieser Konjugate und damit der blüten-spezifischen CCoAOMT in Arabidopsis ist eines der Ziele, die aktuell in der Arbeitsgruppe verfolgt werden.

Für ein BMBF-Projekt der Arbeitsgruppe *Phenylpropanstoffwechsel* wurden die Metabolite einzelner Rapsorten nach der gezielten Suppression von Genen des Sinapinstoffwechsels analysiert und mit entsprechenden Wildtyp-Sorten verglichen. Neben einer deutlichen Reduktion einiger Sinapatester konnten neue, nur in den transgenen Linien vorkommende Komponenten detektiert werden. Eine Reduktion zahlreicher Zellwand-gebundener Phenole in gelbsamigen Rapsamen konnte nachgewiesen werden. Zur Erfassung des Pflanzenbaus und zur Dokumentation der Ernte unterschiedlicher Samenentwicklungsstadien der analysierten Rapspflanzen wurde ein Informations Management System eingeführt. Über 2D-Proteingele wurden erste Untersuchungen der Proteinmuster unterschiedlicher Samenstadien bei Wildtyp-Raps durchgeführt, um die beobachteten Änderungen auf Metabolitenebene mit den Daten des Sekundärstoffwechsel-Proteoms korrelieren zu können. Für eine exakte Quantifizierung der Proteinmuster ist eine Anreicherung einzelner Proteom-Bereiche erforderlich, deren praktische Umsetzung zur Zeit mittels affinitätschromatographischer Me-



Lokalisierung des At1g67990-Genprodukts im Tapetum der Staubblätter junger Arabidopsis-Knospen.





## PUBLIKATIONEN DER ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL

### PUBLIKATIONEN 2007

Burow, M., Rice, M., Hause, B., Gershenzon, J. & Wittstock, U. Cell- and tissue-specific localization and regulation of the epithiospecifier protein in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Mol. Biol.* **64**, 173-185.

Cenzano, A., Abdala, G. & Hause, B. Cytochemical immuno-localization of allene oxide cyclase, a jasmonic acid biosynthetic enzyme, in developing potato stolons. *J. Plant Physiol.* **164**, 1449-1456.

Deepak, S., Shailasree, S., Kini, R. K., Hause, B., Shetty, S. H. & Mithöfer, A. Role of hydroxyproline-rich glycoproteins in resistance of pearl millet against downy mildew pathogen *Sclerospora graminicola*. *Planta* **226**, 323-333.

Fester, T. & Hause, B. Commentary. Drought and symbiosis – Why is abscisic acid necessary for arbuscular mycorrhiza? *New Phytol.* **175**, 383-386.

Fester, T., Lohse, S. & Halfmann, K. "Chromoplast" development in arbuscular mycorrhizal roots. *Phytochemistry* **68**, 92-100.

Geissler, R., Brandt, W. & Ziegler, J. Molecular modelling and site-directed mutagenesis reveals the benzylisoquinoline binding site of the short-chain dehydrogenase/reductase salutaridine reductase. *Plant Physiol.* **143**, 1493-1503.

Gremillon, L., Kiessling, J., Hause, B., Decker, E. L., Reski, R. & Sarnighausen, E. FtsZ isoforms specifically interact in the chloroplasts and in the cytosol of *Physcomitrella patens*. *New Phytol.* **176**, 299-310.

Hause, B., Mrosk, C., Isayenkov, S. & Strack, D. Jasmonates in arbuscular mycorrhizal interactions. *Phytochemistry* **68**, 101-110.

Mittasch, J., Strack, D. & Milkowski, C. Secondary product glycosyltransferases in seeds of *Brassica napus*. *Planta* **225**, 265.

Phillips, M. A., Walter, M. H., Ralph, S., Dabrowska, P., Luck, K., Urós, E.-V., Boland, W., Strack, D., Rodríguez-Concepción, M., Bohlmann, J. & Gershenzon, J. Functional identification and differential expression of 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase and other MEP pathway genes in induced terpenoid resin formation of Norway spruce (*Picea abies*). *Plant Mol. Biol.* **65**, 243-257.

Schaarschmidt, S., González, M.-C., Roitsch, T., Strack, D., Sonnewald, U. & Hause, B. Regulation of arbuscular mycorrhization by carbon. The symbiotic interaction cannot be improved by increased carbon availability accomplished by root-specifically enhanced invertase activity. *Plant Physiol.* **143**, 1827-1840.

Schaarschmidt, S., Kopka, J., Ludwig-Müller, J. & Hause, B. Regulation of arbuscular mycorrhiza by apoplastic invertases: Increased invertase activity in the leaf apoplast affects the symbiotic interaction. *Plant J.* **51**, 390-405.

Stintzing, F. & Schliemann, W. Pigments of Fly Agaric (*Amanita muscaria*) *Z. Naturforsch.* **62c**, 779-785.

ten Hoopen, P., Hunger, A., Müller, A., Hause, B., Kramell, R., Wasternack, C., Rosahl, S. & Conrad, U. Immunomodulation of jasmonate to manipulate the wound response. *J. Exp. Bot.* **58**, 2525-2535.

Textor, S., de Kraker, J.-W., Hause, B., Gershenzon, J. & Tokuhisa, J. G. MAM3 catalyzes the formation of all aliphatic glucosinolate chain

lengths in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiol.* **144**, 60-71.

Walter, M. H., Floß, D. S., Hans, J., Fester, T. & Strack, D. Apocarotenoid biosynthesis in arbuscular mycorrhizal roots: contributions from methylerythritol phosphate pathway isogenes and tools for its manipulation. *Phytochemistry* **68**, 130-138.

zum Felde, T., Baumert, A., Strack, D., Becker, H. C. & Möllers, C. Genetic variation for sinapate ester content in winter rapeseed (*Brassica napus* L.) and development of NIRS calibration equations. *Plant Breeding* **126**, 291-296.

### BUCHKAPITEL

Hinneburg, A., Porzel, A., Wolfram, K. An evaluation of text retrieval methods for similarity search of multidimensional NMR-spectra. In: *Lernen, Wissen, Adaption, Workshop Proceedings 24.9.-26.9.07* (Martin-Luther-Universität ed.), 282-289. ISBN 978-3-86010-907-6.

Wasternack, C., Hause, B., Stenzel, I., Goetz, S., Feussner, I. & Miersch, O. Jasmonate signaling in tomato – The input of tissue-specific occurrence of allene oxide cyclase and JA metabolites. In: *Current Advances in the Biochemistry and Cell Biology of Plant Lipids. Proceedings of the 17th International Symposium on Plant Lipids, Michigan State University Press, East Lansing* (Benning, C., Ohlrogge, J., eds.), Aardvark Global Publishing Company LLC, Salt Lake City, UT, pp. 107-111.

Wolfram, K., Porzel, A., Hinneburg, A. Similarity search for multidimensional NMR-spectra of natural products. In: *Bioinformatics research and development, 1st International conference, BIRD 2007*, Berlin, Deutschland, 424-438. ISBN 3-540-71232-1.

### PUBLIKATIONEN IM DRUCK

Clauß, K., Baumert, A., Nimtz, M., Milkowski, C. & Strack, D. Role of a GDSL lipase-like protein as sinapine esterase in Brassicaceae. *Plant J.* **53**, 802-813 (2008).

Schaarschmidt, S. & Hause, B. Addendum: Apoplastic invertases: multifaceted players in the arbuscular mycorrhization. *Plant Signaling & Behavior*.

Schliemann, W., Ammer, C. & Strack, D. Metabolite profiling of mycorrhizal roots of *Medicago truncatula*. *Phytochemistry* **69**, 1146-1147 (2008).

Stehle, F., Stubbs, M. T., Strack, D. & Milkowski, C. Heterologous expression of a serine carboxypeptidase-like acyltransferase and characterization of the kinetic mechanism. *FEBS Journal* **275**, 775 - 787 (2008).

Stenzel, I., Ischebeck, T., König, S., Holubowska, A., Sporysz, M., Hause, B. & Heilmann, I. The type B phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase 3 is essential for root hair formation in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Cell*.

Wadenbäck, J., von Arnold, S., Egersdotter, U., Walter, M. H., Grima-Pettenati, J., Goffner, D., Gellerstedt, G., Gullion, T. & Clapham, D. Lignin biosynthesis in transgenic Norway spruce plants harboring an antisense construct for cinnamoyl CoA reductase (CCR). *Transgenic Res.* **17**, 379-392 (2008).

Weier, D., Mittasch, J., Strack, D. & Milkowski, C. The genes *BnSCT1* and *BnSCT2* from *Brassica napus* encoding the final enzyme of sina-

## ABTEILUNG ADMINISTRATION, ZENTRALE DIENSTE & TECHNIK

Leiter: Lothar Franzen

Sekretärin: Cindy Maksimo

**M**ehrere Baumaßnahmen, die vor allem den technischen Standard zur Verbesserung der allgemeinen Forschungsbedingungen sicherten, standen im Mittelpunkt der baulichen Aktivitäten des IPB im vergangenen Jahr. So wurde im Dezember 2007 für insgesamt 220.000 Euro eine Technikzentrale als Anbau an Haus D fertiggestellt. Das Gebäude birgt seit Juni 2008 ein neues NMR-Gerät (600 MHz), das im Rahmen einer 2007 geplanten Großgeräteinvestition für eine Millionen Euro vom Institut erworben wurde. Zur Inbetriebnahme des NMR-Gerätes und zur weiteren Stabilisierung der Kälteversorgung am IPB wurde ein weiteres Kälteaggregat installiert und an das vorhandene Kältenetz angeschlossen; die Gesamtkosten dieser im November 2007 abgeschlossenen Investition betrugen 82.000 Euro.

Im Rahmen des Gewächshauskonzeptes wurden insgesamt 13 Kammern der Gewächshäuser N und K mit einer automatischen Pflanztopfbewässerung ausgestattet. Mit dieser Anlage erfolgt die Bewässerung der Versuchspflanzen seit Oktober 2007 über mehrere an den vorhandenen Tischen installierte Regelkreise und wird über Feuchteregler oder über ein Zeitprogramm automatisch reguliert. Die 110.000 Euro teure Pflanztopfbewässerung wurde von den Mitarbeitern sehr begrüßt, da sie eine noch genauere und in hohem Maße reproduzierbare Durchführung der Experimente erlaubt.

Für den Zeitraum 2009/2010 ist der Bau eines weiteren vollklimatisierten Gewächshauses geplant. Zudem ist die Einrichtung eines zentralen Raumes für eine Vielzahl von Pflanzenwuchsschränken vorgesehen. Drei weitere begehbare Phytokammern sollen dem gestiegenen Anspruch der Forschungsgruppen an Räumlichkeiten mit exakten Anzuchtbedingungen gerecht werden. Mit Vollendung dieser Baumaßnahmen wird die Erfüllung des Gewächshauskonzeptes des IPB angestrebt. Ein Serverraum für die Netzwerktechnik, vor allem für die Projekte der Bio- und der Chemoinformatik komplettieren die künftigen Planungsvorhaben, für die mit Kosten von insgesamt 2,5 Millionen Euro gerechnet werden.



## MITARBEITER DER ABTEILUNG ADMINISTRATION, ZENTRALE DIENSTE & TECHNIK

### ARBEITSGRUPPE HAUSHALT

**Leiterin: Barbara Wolf**

Maike Hildebrandt

Gudrun Schildberg bis 30.06.07

Andrea Walter ab 01.08.07

Kerstin Wittenberg

### PERSONALANGELEGENHEITEN

**Leiterin: Kerstin Balkenhohl**

Alexandra Burwig (Elternzeit)

Claudia Haferung-Bornmann

### ALLGEMEINE VERWALTUNG

**Leiterin: Rosemarie Straßner**

Clemens Schinke

Elviera Schotte bis 30.06.07

### BIBLIOTHEK

**Leiterin: Andrea Piskol**

Anja Gärtner

### GRAFIK & FOTOGRAFIE

**Leiterin: Christine Kaufmann**

Annett Kohlberg

### GEBÄUDE UND LIEGENSCHAFTEN

**Vorarbeiter: Michael Kräge**

Carsten Koth

Jörg Lemnitzer

Klaus-Peter Schneider

Catrin Timpel

Eberhard Warkus

### PROJEKTLEITUNG NEUBAU

**Leiterin: Heike Böhm**

### GERÄTE- UND ELEKTROTECHNIK

**Leiter: Hans-Günter König**

Holger Bartz

Ronald Scheller

### GÄRTNEREI

**Gewächshäuser J und K**

Annett Grün bis 30.09.07

Kristina Rejall

Katja Scheming bis 31.03.07

Sabine Voigt

### Gewächshaus N

Martina Allstädt

Philipp Plato

Iris Rudisch bis 12.09.07

### Außenbereich

Christian Müller

Steffen Rudisch bis 12.09.07

### QUERSCHNITTSBEREICHE

Matthias Barth - Kraftfahrer

Sylvia Pieplow - PR-Referentin

Hans-Jürgen Steudte - Chemikalienlager

### AUSZUBILDENDE

Ines Deák - Bürokauffrau

Tibor Sari - Informatik Kaufmann

Caroline Stolzenbach - Bürokauffrau

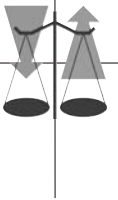
Marcel Volkmann - Fachinformatiker,

Fachrichtung Systemintegration

Kristin Weinert - Bürokauffrau

## PERSONALÜBERSICHT 2007

<b>Anzahl der Mitarbeiter zum Stichtag 31.12.07</b>	<b>169</b>
Anzahl der Wissenschaftler	95
davon Frauen:	48
Anteil der Vollbeschäftigten in %	57
Anteil der Teilzeitbeschäftigten in %	43
Anzahl der Planstellen	92
Beschäftigungspositionen Haushalt	22
Pakt für Forschung und Innovation (Haushalt)	7
Über Drittmittel finanzierte Positionen	37
Anteil der weiblichen Beschäftigten insgesamt in %	60
Fluktuationsrate in %	16
Durchschnittsalter der Beschäftigten	37 Jahre
BERUFSAUSBILDUNG	
im kaufmännischen Bereich	3
im Bereich der Systemadministration	2
im labortechnischen Bereich	3
ERFOLGREICHE BERUFSABSCHLÜSSE IM JAHR 2007	
in der Gärtnerei	2
in der Bibliothek	1
Anzahl der Gastwissenschaftler (inkl. Stipendiaten) im Jahresdurchschnitt	29
Anzahl der studentischen und wissenschaftlichen Hilfskräfte im Jahresdurchschnitt	57



## ÜBERSICHT ÜBER HAUSHALTS- UND DRITTMITTEL 2007

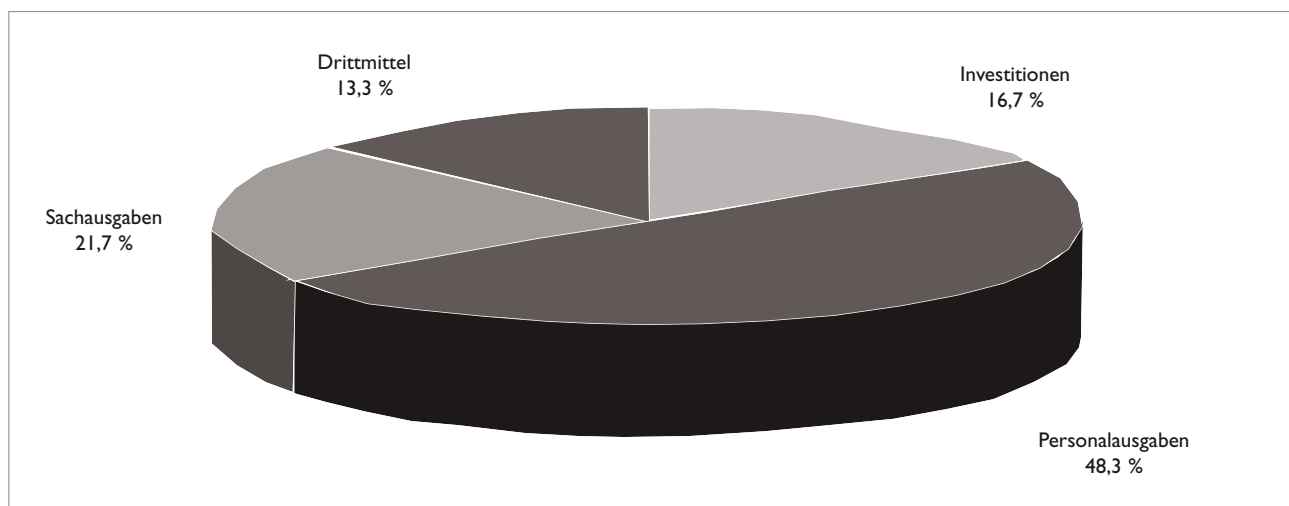
Forschungsfinanzierungen auf dieser und den folgenden Seiten erfolgten durch:

<b>AvH</b>	Alexander von Humboldt-Stiftung
<b>Bionorica</b>	Bionorica AG
<b>BMBF</b>	Bundesministerium für Bildung und Forschung
<b>DBU</b>	Deutsche Bundesstiftung Umwelt
<b>DFG</b>	Deutsche Forschungsgemeinschaft
<b>DFG / SPP</b>	Schwerpunktprogramm der DFG
<b>Elsevier</b>	Elsevier Science Publisher
<b>EU</b>	Europäische Union
<b>HWP</b>	Hochschulwissenschaftsprogramm
<b>MK-LSA</b>	Kultusministerium des Landes Sachsen-Anhalt
<b>MLU</b>	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
<b>R &amp; D</b>	R & D - Biopharmaceuticals GmbH
<b>SFB</b>	Sonderforschungsbereich
<b>Wella</b>	Wella AG / Procter & Gamble Service GmbH

bewilligte Zuwendung	in Mio. Euro	in %
<b>GRUNDFINANZIERUNG INKL. PAKT FÜR FORSCHUNG / INNOVATION</b>		
Personalausgaben	5,8	48,3
Sachausgaben	2,5	20,8
Zuweisungen / Zuschüsse	0,1	0,8
Investitionen <i>davon EFRE-Mittel</i>	2,0 0,2	16,7
<b>Zwischensumme</b>	<b>10,4</b>	
<b>DRITTMITTELFINANZIERUNG</b>		
BMBF	0,3	2,5
MK-LSA	0,4	3,3
DFG / SPP	0,2	1,7
DFG	0,2	1,7
SFB	0,3	2,5
Wirtschaft	0,2	1,7
EU*	-0,1	-0,8
Sonstige / Stiftungen	0,1	0,8
<b>Zwischensumme</b>	<b>1,6</b>	
<b>GESAMTSUMME</b>	<b>12,0</b>	<b>100,0</b>

\*Übernahme des negativen Kassenbestandes aus dem Vorjahr aufgrund noch fehlender Schlussabrechnung von zwei Projekten seitens der EU

INVESTITIONSHAUSHALT	in Mio. Euro
Großgeräteinvestitionen gesamt <i>davon EFRE-finanziert</i>	1,8 0,2
Bauinvestitionen gesamt	0,2
<b>SUMME</b>	<b>2,0</b>



Gesamtetat des IPB 2007

## PROJEKTE IM RAHMEN DES PAKTES FÜR FORSCHUNG UND INNOVATION

Bezeichnung	Gesamtlaufzeit	Gesamtbewilligung in Euro	Einnahmen 2007 in Euro	Bewilligte Personalstellen 2007
<b>VERGABERUNDE 2006</b>				
Kooperation mit dem IGZ Großbeeren "Adventivwurzelbildung" <i>B. Hause</i>	06/08	104.615,00	34.872,00	1
<b>VERGABERUNDE 2007</b>				
Projekt IPB "Metabolitencluster" <i>D. Scheel &amp; L. Wessjohann</i>	07/09	817.200,00	272.400,00	4



## DRITTMITTEL

Zuwendungsgeber Projekte & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Einnahmen 2007 in Euro	Bewilligte Personalstellen 2007
<b>ABTEILUNG NATURSTOFF-BIOTECHNOLOGIE</b>			
<b>MK-LSA/MLU</b> Heterodimerbildung als Regulationsmechanismus der Allenoxidcyclase in Arabidopsis <i>C. Wasternack &amp; B. Hause</i>	06/08	6.002,22	0
<b>DFG / SPP</b> Genexpressionsanalyse in Papaver-Species <i>J. Ziegler &amp; W. Brandt</i>	05/07	19.671,50	1
<b>SFB</b> 12-Hydroxyjasmonat - Arabidopsis (C2) <i>C. Wasternack &amp; O. Miersch</i>	05/08	109.037,40	2
<b>ZWISCHENSUMME:</b>		<b>134.711,12</b>	<b>3</b>
<b>ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE</b>			
<b>HWP</b> Strukturaufklärung und Untersuchung des Verlaufs chemischer Reaktionen <i>L. Wessjohann</i>	04/06	1.019,56	0
<b>DFG / SPP</b> Mannich-Diversity <i>B. Westermann</i>	05/07	25.427,97	1
	07/09	14.100,00	1
Prenylierende Enzyme <i>W. Brandt &amp; L. Wessjohann</i>	05/07	24.258,49	1
	07/09	10.300,00	1
Chalkogenkatalysatoren <i>L. Wessjohann</i>	06/07	14.404,68	1
	07/09	21.100,00	1
Genexpressionsanalyse in Papaver-Species <i>W. Brandt</i>	07/08	9.500,00	1
<b>DFG</b> CERC-3 <i>L. Wessjohann</i>	06/07	11.463,83	1
<b>Wirtschaft</b> Bionorica - Benzopyrane <i>L. Wessjohann</i>	05/07	6.701,41	1
Wella <i>L. Wessjohann</i>	04/07	46.843,50	1
	07/08	84.000,00	1
R&D GmbH - Tubulinbinder <i>L. Wessjohann</i>	07/08	70.800,00	1
DBU-Uni Greifswald - Acyloine <i>L. Wessjohann</i>	06/08	4.310,35	0
<b>Stiftungen</b> Alexander v. Humboldt - Elucidation of novel bioactive compounds from mycorrhizal and mycophilic fungi <i>L. Wessjohann &amp; N. Arnold</i>	07/08	8.800,00	0
Alexander v. Humboldt Bioactive compounds from plants of Ethiopia <i>L. Wessjohann</i>	07/07	2.400,00	0
<b>ZWISCHENSUMME</b>		<b>355.429,79</b>	<b>12</b>



## DRITTMITTEL

Zuwendungsgeber Projekte & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Einnahmen 2007 in Euro	Bewilligte Personalstellen 2007
<b>ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE</b>			
<b>BMBF</b> Bioinformatik und Massenspektrometrie <i>D. Scheel</i>	05/07	78.080,91	2
SARA <i>D. Scheel</i>	04/07	64.899,77	1
GABI - Forte <i>D. Scheel</i>	07/10	3.000,00	1
<b>MK-LSA / MLU</b> Exzellenznetzwerk <i>D. Scheel</i>	07/08	320.000,00	5
Trascriptome and proteome analysis of pathogen-attacked barley epidermis <i>W. Knogge</i>	05/08	12.006,54	0
Einfluss der Chromatinstruktur auf die Wechselwirkung von <i>A. thaliana</i> mit verschiedenen Pathogenen <i>D. Scheel</i>	06/08	12.002,58	0
Role of MAPK(s) in female gematophyte / embryo developement <i>J. Lee</i>	06/08	12.004,02	0
<b>DFG / SPP</b> Nonhost resistance <i>D. Scheel &amp; S. Rosahl</i>	07/09	33.100,00	2
<i>Piriformospora indica</i> MAMP recognition <i>D. Scheel &amp; J. Lee</i>	07/09	26.000	1
<b>SFB</b> Molekulare Kommunikation von <i>R. secalis</i> (A6) <i>W. Knogge</i>	05/08	41.863,30	1
Rolle der Oxylinpe bei der Pathogenabwehr <i>S. Rosahl</i>	05/08	85.010,89	2
MAP-Kinase-Kaskaden in <i>A. thaliana</i> (B1) <i>D. Scheel</i>	05/08	107.998,20	2
<b>EU</b> Metalhome <i>S. Clemens</i>	03/06	-77.493,82	0
Nodo <i>S. Rosahl</i>	02/05	-61.771,04	0
<b>Stiftungen</b> Alexander v. Humboldt - Identifizierung von Genen, die an der Suszeptibilität von Gerste gegenüber <i>R. secalis</i> beteiligt sind <i>W. Knogge</i>	07/08	15.200,00	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>		<b>671.901,35</b>	<b>17</b>



Zuwendungsgeber Projekte & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Einnahmen 2007 in Euro	Bewilligte Personalstellen 2007
<b>ABTEILUNG SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL</b>			
<b>BMBF</b> YelLowSin <i>D. Strack</i>	06/09	104.378,82	3
<b>MK-LSA / MLU</b> Heterodimerbildung als Regulationsmechanismus der Allenoxidcyclase in Arabidopsis <i>C. Wasternack &amp; B. Hause</i>	06/08	6.002,22	0
<b>DFG/SPP</b> Rolle der Jasmonate bei der Ausbildung der Mykorrhiza <i>B. Hause &amp; D. Strack</i>	04/07	3.966,92	1
Mykorrhiza-spezifische Carotinoidbiosynthese <i>T. Fester</i>	04/07	282,39	1
Metabolite Profiling <i>W. Schliemann</i>	04/07	698,52	1
SCPL-Acyltransferasen <i>D. Strack &amp; C. Milkowski</i>	05/07 07/09	11.685,70 16.000,00	1 1
DXS-Evolution <i>M. H. Walter</i>	06/07	22.832,42	1
Detection of jasmonates, live-cell imaging <i>B. Hause</i>	07/09	17.100,00	1
<b>DFG</b> HCA-Glucosyltransferasen <i>C. Milkowski &amp; A. Baumert</i>	06/08	35.546,69	1
DXS-Isoenzyme <i>M.H. Walter</i>	05/07	9.828,15	1
Struktur und Funktion der Sinapinesterase <i>D. Strack</i>	05/07 07/08	8.454,50 30.600,00	1 1
PFOMT <i>T. Vogt</i>	04/06	1.901,35	0
Caffeoylglucarat-Synthase <i>D. Strack &amp; B. Hause</i>	06/09	37.395,53	1
Jasmonat, arbuskuläre Mykorrhiza, Cytoskelett <i>B. Hause</i>	06/07	1.821,22	0
<b>Sonstige</b> Elsevier - Phytochemistry <i>D. Strack</i>	02/09	43.479,66	1
<b>Stiftungen</b> Alexander v. Humboldt Monitoring of jasmonic acid on cellular level <i>B. Hause</i>	07/08	9.600,00	0
<b>ZWISCHENSUMME:</b>		<b>361.574,09</b>	<b>16</b>

## DRITTMITTEL UND FINANZIERUNGSÜBERSICHT

Zuwendungsgeber Projekte & Projektleiter	Gesamtlaufzeit	Einnahmen 2007 in Euro	Bewilligte Personalstellen 2007
<b>ABTEILUNGSÜBERGREIFENDE PROJEKTE</b>			
<b>BMBF</b> GABI-2 <i>D. Scheel, S. Clemens, L. Wessjohann &amp; J. Schmidt</i>	04/07	95.651,35	3
<b>ZWISCHENSUMME:</b>		<b>95.651,35</b>	<b>3</b>
<b>PROJEKTEINNAHMEN INSGESAMT:</b>		<b>1.619.267,70</b>	<b>51</b>

## FINANZIERUNGSÜBERSICHT

Zuwendungsgeber	Einnahmenanteil 2007 in Euro	Bewilligte Personalstellen 2007
HWP	1.019,56	0
BMBF	346.010,85	10
MK-LSA	368.017,58	5
DFG	137.011,27	6
DFG / SPP	270.428,59	18
SFB	343.909,79	7
Wirtschaft	212.655,26	4
EU	-139.264,86	0
Sonstige	43.479,66	1
Stiftungen	36.000,00	0
<b>GESAMTSUMME:</b>	<b>1.619.267,70</b>	<b>51</b>



## MITWIRKUNG DES IPB AN NATIONALEN UND INTERNATIONALEN FORSCHUNGSNETZWERKEN

### DFG-PROJEKTE

#### CERC 3

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

#### EVOMET

Evolution metabolischer Diversität,  
*DFG-Schwerpunktprogramm 1152*

**MOLEKULARE MECHANISMEN DER  
INFORMATIONSVERRABETUNG IN PFLANZEN**  
*Sonderforschungsbereich 648 der DFG*

#### ORGANOKATALYSE

*DFG-Schwerpunktprogramm 1179*  
- *Mannich Diversity (Professor Westermann)*  
- *Chalcogen Catalysts (Professor Wessjohann)*

#### PLANT-MIKRO

Mikrobielle Umprogrammierung der Pflanzenzell-  
Entwicklung  
*DFG-Schwerpunktprogramm 1212*

**SELBSTORGANISATION DURCH KOORDINATIVE UND  
NICHTKOVALENTE WECHSELWIRKUNG**  
*Graduiertenkolleg 894 der DFG*

#### SELENOPROTEINE

*DFG-Schwerpunktprogramm 1087*

### GABI-PROJEKTE

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

#### COMPARATIVE GENOMICS

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

#### 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*

#### YELLOW SIN

Functional Genomics für die Entwicklung  
gelbsamiger Rapssorten mit niedrigem Sinapinegehalt  
*GABI-Kanada, bilaterale Kooperation Deutschland-  
Kanada*

#### LANDESEXZELLENZNETZWERK

##### SACHSEN-ANHALT

Strukturen und Mechanismen  
der biologischen Informationsverarbeitung

##### PFLANZLICHE PROTEINKOMPLEXE - STRUKTUR, FUNKTION UND EVOLUTION

Graduiertenprogramm im Landesexzellenznetzwerk

## GASTWISSENSCHAFTLER UND STIPENDIATEN

### ABTEILUNG NATURSTOFF- BIOTECHNOLOGIE

**Sergio Alemano, Argentinien**  
14.05.2007 – 15.06.2007

**Markus Otto, BRD**  
Stipendiat, Graduiertenprogramm  
01.10.2006 – 31.12.2008

**Stephan Schilling, BRD**  
15.09.2007 – 30.06.2008

**Gianni Vandendorpe, Belgien**  
03.09.2007 – 15.11.2007

### ABTEILUNG STRESS- UND ENTWICKLUNGSBIOLOGIE

**Dr. Jolly Basak, Indien**  
*Stipendiatin AvH-Stiftung*  
01.08.2006 – 31.07.2008

**Annegret Boch, BRD**  
*Stipendiatin Graduiertenkolleg*  
seit 01.06.2004

**Ingo Hofmann, BRD**  
01.11.2004 – 31.12.2008

**Dr. Jens Katzek, BRD**  
01.11.2004 – 31.12.2008

**Andrea Leitner, BRD**  
*Stipendiatin Graduiertenprogramm*  
02.04.2007 – 31.03.2010

**Dr. Vicent Arbona i Mengual, Spanien**  
05.07.2007 – 31.08.2007

**Dr. Dirk Schenke, BRD**  
*Stipendiat Graduiertenkolleg*  
16.02.2006 – 31.03.2009

**Nicole Staroske, BRD**  
*Stipendiatin Graduiertenprogramm*  
01.04.2006 – 15.06.2007

**Dr. Ralf Weigel, BRD**  
01.01.2007 – 28.02.2007

**Dr. Esther van der Zalm, Niederlande**  
*Stipendiatin Graduiertenprogramm*  
16.12.2005 – 31.12.2008

### ABTEILUNG NATUR- UND WIRKSTOFFCHEMIE

**Dr. Muhammad Abbas, Pakistan**  
01.05.2004 – 31.01.2007

**Dr. Susanne Aust, BRD**  
*Probiodrug AG*  
01.03.2003 – 31.12.2007

**Muhammad Ayaz, Pakistan**  
21.04.2006 – 31.12.2007

**Cristiano Rodrigo Bohn Rhoden, Brasilien**  
*DAAD-Stipendiat*  
01.10.2004 – 31.12.2007

**Raysner Bosch Veliz, Kuba**  
05.06.2007 – 31.12.2007

**Dr. Andriy Buchynskyy, Ukraine**  
01.09.2006 – 31.01.2007

**Prof. Dr. Ermias Dagne, Äthiopien**  
*Stipendiat AvH-Stiftung*  
02.08.2007 – 31.10.2007

**Dr. Quang Dang Ngoc, Vietnam**  
*Stipendiat AvH-Stiftung*  
01.03.2007 – 31.12.2007

**Dr. Marco Aurelio Desso, Brasilien**  
01.09.2004 – 31.08.2007

**Kanchana Dumri, Thailand**  
*DAAD-Stipendiatin*  
01.03.2004 – 31.12.2007

**Otilie Eichler Vercillo, Brasilien**  
*DAAD-/CNPq-Stipendiatin*  
12.09.2005 – 30.06.2007

**Daniel Garcia Rivera, Kuba**  
*Graduiertenkolleg*

01.10.2003 – 31.07.2007

**Gergely Gulyas, Ungarn**  
01.04.2005 – 31.01.2007

**Prof. Dr. Abul Hashem, Bangladesch**  
*DAAD-Stipendiat*  
23.07.2007 – 19.09.2007

**Fredy Leon Reyes, Kuba**  
*Graduiertenkolleg*  
01.05.2005 – 15.11.2007

**Dr. Tilo Lübken, BRD**  
01.10.2007 – 31.12.2007

**Dr. Sarfraz Ahmad Nawaz, Pakistan**  
*Stipendiat AvH-Stiftung*  
28.11.2007 – 31.12.2007

**Martin Claudio Nin Brauer, Brasilien**  
*CNPq-Stipendiat*  
01.04.2007 – 31.12.2007

**Orlando Pando Morejon, Kuba**  
15.05.2007 – 31.12.2007

**Dr. Sumaira Umbreen, Pakistan**  
15.05.2007 – 31.12.2007

**Dr. Svetlana Zakharova, Russland**  
01.01.2007 – 31.03.2007

### ABTEILUNG

#### SEKUNDÄRSTOFFWECHSEL

**Dr. Kirill Demchenko, Russland**  
*DFG-Stipendiat*  
22.01.2007 – 24.02.2007

**Dr. Zakir Hossain, Bangladesch**  
*Georg-Forster-Stipendiat*  
01.04.2006 – 31.03.2008

## PRESSE- UND ÖFFENTLICHKEITSARBEIT

Leiterin: Sylvia Pieplow

### -BENEFIZKONZERT IM FEBRUAR

Unter dem Titel *Musik in Mythen* veranstaltete das IPB am 14. Februar 2007 ein Benefizkonzert

vor 120 begeisterten Zuhörern. Gepielt wurden Werke für Querflöte und Klavier von Claude Debussy und Carl Maria von Weber. Die Interpreten Eckart Haupt, Soloflötist der Staatskapelle Dresden und Winfried Apel, Professor an der Dresdner Musikhochschule, verzichteten auf ihre Gagen zugunsten des mathematisch-naturwissenschaftlichen



Winfried Apel und Eckart Haupt (von links) verzichteten auf ihre Gagen zugunsten des halleschen Georg-Cantor-Gymnasiums.

Spezialgymnasiums Georg Cantor in Halle. Aus Eintrittsgeldern und Spenden konnten 1400 Euro eingenommen und dem Förderverein der Schule übergeben werden. Das Geld wurde in Lehrmittel investiert, die die spezielle und sehr fundierte naturwissenschaftliche Ausbildung an diesem Gymnasium fördern und gewährleisten.

### CHEMIEDOZENTENTAGUNG IM MÄRZ

Gastgeber der Chemiedozententagung vom 11. bis 14. März 2007 waren in diesem Jahr die Martin-Luther-Universität und die Stadt Halle. Organisiert wurde die nationale Tagung, die jedes Jahr an einer ausgewählten Universität Deutschlands ausgerichtet wird, von den Mitarbeitern des Fachbereiches Chemie der MLU, der Arbeitsgemeinschaft Deutscher Universitätsprofessoren und -professorinnen für Chemie und der Gesellschaft Deutscher Chemiker. Wie in jedem Jahr, wurde anlässlich der Tagung eine Imagebroschüre herausgegeben, die den Chemiestandort Halle in seiner Vielfalt an unterschiedlichen universitären und außeruniversitären Forschungseinrichtungen sehr anschaulich beschreibt. Die redaktionelle Bearbeitung, Satz und Layout der Broschüre erfolgten von der Presseabteilung des IPB. Damit hat das Institut einen wesentlichen Beitrag zum Gelingen der Chemiedozententagung geleistet.

### JUGEND FORSCHT IM APRIL

Dragana Gerovac hieß die Preisträgerin 2007 des hessischen Landeswettbewerbes *Jugend forscht*.

Als Lohn für ihr naturwissenschaftliches Engagement gewann die Abiturientin aus Neu-Isenburg ein zweiwöchiges Praktikum am IPB, bei dem sie

unter Anleitung von Axel Teichert (Abteilung *Natur- und Wirkstoffchemie*) bioaktive Substanzen aus Pilzen isolierte und charakterisierte. Das Praktikum vom 2. bis 13. April traf auf wohlwollende Zustimmung aller Beteiligten und war ein großer Erfolg, der auch in der lokalen Presse gewürdigt wurde.

### HEILPFLANZE HOPFEN IM JULI

Dass Hopfen nicht nur für milde Würze im Bier sorgt, bewies die wissenschaftliche Wanderausstellung des Hopfenmuseums Wolnzach, die vom 3. bis 27. Juli am IPB zu sehen war. Der Deutschen liebste Nutzpflanze mit dem lateinischen Namen *Humulus lupulus* verfügt nämlich über eine Vielzahl an biologisch aktiven Inhaltsstoffen, um deren heilsame Wirkung man schon im Mittelalter wusste. Um diesen pharmazeutisch interessanten Aspekt der Pflanze mehr in den Fokus der öffentlichen Aufmerksamkeit zu rücken, wurde Hopfen zur *Arzneipflanze des Jahres 2007* gewählt. Das IPB forscht schon seit mehreren Jahren an medizinisch wirksamen Hopfeninhaltsstoffen und fungierte aus diesem Grund als Gastgeber für die Ausstellung. Zur Vernissage mit wissenschaftlichem Vortrag über die medizinischen Nutzungsmöglichkeiten des Hopfens kamen neben Wissenschaftlern und



Dragana Gerovac durfte als Siegerin des hessischen Landeswettbewerbes „Jugend forscht“ am halleschen Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie ein Schnupperpraktikum absolvieren.

Lokalpolitikern auch viele Hopfenanbauer der miteldeutschen Region sowie Anne-Marie Keding, die Leiterin der Abteilung *Landwirtschaft* vom Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt, die die Veranstaltung mit einem Grußwort eröffnete.

#### LANGE NACHT DER WISSENSCHAFTEN IM JULI

Erstmals zur Langen Nacht der Wissenschaften wurde am IPB ein Kinderprogramm durchgeführt, das bei den Hallensern großen Zuspruch fand. An verschiedenen Stationen übten die angehenden Jungforscher, Embryonen aus Tomaten zu präparieren, Geheimtinten aus Pflanzensäften herzustellen, Rotkraut zu Blaukraut umzuwandeln oder Düfte zu erraten. Zum wissenschaftliche Parcours gehörte ein Quiz, in dem die regen Geister ihr gelerntes Wissen unter Beweis stellen sollten. Am Ende der Straße winkten ein Nachwuchsforcherdiplom und – dank einer Spende von der *Molecular Graphics and Modeling Society* - viele schöne Preise. Mit etwa 550 Gästen - das waren doppelt so viele wie im vergangenen Jahr - war die 6. Lange Nacht der Wissenschaften ein voller Erfolg für das IPB.

#### TATORT TELLER IM AUGUST

Über das *Pro* und *Contra* der Grünen Gentechnik diskutierte am 30. August 2007 Dierk Scheel im Rahmen des Mitteldeutschen Forums von *mdr Figaro*. Die Diskussion unter dem Motto *Tatort Teller* mit weiteren geladenen Gesprächspartnern wie dem Geschäftsführer des BUND



Jan Hendrik Olbertz begutachtet mit Carsten Milkowski den Unterschied zwischen schwarzsamigen Winter- und gelbsamigen Sommerrapsorten.

Sachsen-Anhalt, Oliver Wendenkampf und dem Lehrstuhlleiter für Angewandte Ethik der Universität Jena, Professor Nikolaus Johannes Knoepfler fand im Landesfunkhaus in Halle statt.

#### BESUCH DES MINISTERS IM OKTOBER

Am 4. Oktober 2007 besuchte der Kultusminister des Landes Sachsen-Anhalt Professor Jan Hendrik Olbertz das Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie. In einem vierstündigen Rundgang durch Labore, Gewächshäuser und Außenanlagen wurden ihm die interessantesten Forschungsprojekte des Instituts vorgestellt. Gegenüber Problemen und den ihm präsentierten Forschungsthemen zeigte sich der Minister höchst interessiert und aufgeschlossen. Besonders beeindruckt sei er von der positiven, offenen und freundlichen Stimmung unter den Mitarbeitern sowie deren ausgeprägte Fähigkeit, schwierige Sachverhalte allgemeinverständlich zu erklären, betonte er beim abschließenden Gespräch.



Großer Andrang herrschte zur 6. Langen Nacht der Wissenschaften an allen Stationen, so auch beim Pipettieren, beim Spitzenstecken und an den Mikroskopen.



#### BIOTECHNIKA IM OKTOBER

Auf der BIOTECHNIKA, Deutschlands größter Messe im Bereich der Biotechnologie, präsentierte sich das IPB wie gewohnt in enger Nachbarschaft zu anderen Institutionen, Firmen und Forschungseinrichtungen an einem Gemeinschaftsstand der Bundesländer Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen. Vorgestellt wurden die Forschungsarbeiten im Rahmen des deutsch-kanadischen Kooperationsprojektes *YellowSin*, bei dem das IPB mit der Erforschung transgener Rapsorten mit vermindertem Bitterstoffanteil beteiligt ist. Die BIOTECHNIKA fand vom 8. bis 11. Oktober in Hannover statt. Die Standbetreuung erfolgte von Sylvia Pieplow sowie den Wissenschaftlern der Abteilung *Sekundärstoffwechsel* Juliane Mittasch und Carsten Milkowski.

#### HANS-OLAF-HENKEL-PREIS IM NOVEMBER

Der erstmals im Jahre 2007 von der Leibniz-Gemeinschaft vergebene *Hans-Olaf-Henkel-Preis für Wissenschaftspolitik* ging an den ehemaligen Institutsdirektor und Leopoldina-Präsidenten Professor Benno Parthier. Benno Parthier wurde mit diesem Preis für seine herausragenden Verdienste um die erfolgreiche Vereinigung unterschiedlicher Wissenschaftssysteme geehrt. Dazu gehört die Eingliederung der Forschungsinstitute der Akademie der Wissenschaften der DDR in das deutsche Wissenschaftssystem nach der politischen Wende und die Reform der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina.

#### FÜHRUNGEN UND VORTRÄGE

Wie in jedem Jahr pflegte das IPB auch in diesem Jahr wieder engen Kontakt zu Schülern und Studenten. So fanden mehrfach Führungen der Studenten der Hochschule Anhalt aus Köthen sowie Vorträge zur Grünen Gentechnik für die Schüler des Georg-Cantor-Gymnasiums statt. Im Rahmen der Wissensvermittlung an die Öffentlichkeit beteiligte sich das IPB zudem an zwei von anderen Institutionen organisierten Veranstaltungen: Am 24. März 2007 hielt Bernhard Westermann im Rahmen der Samstagsvorlesungen der Martin-Luther-Universität einen Vortrag mit dem Titel *Was haben Schneeglöckchen mit Alzheimer zu tun?* Andrea Porzel referierte am 9. November 2007 zum Tag der Wissenschaften am Marie-Curie-Gymnasium in Wittenberg zum Thema *Vom Urwald in den Arzneischränk: Die Chemie der Natur*.

#### KUNST AM IPB

Neben der wissenschaftlichen Ausstellung zum

Hopfen gab es am Institut im vergangenen Jahr vier weitere Expositionen von Künstlern aus der Saalestadt. Im Februar und März 2007 zeigte die Hallenser Künstlerin Sabine Eberhard ihre farbenfrohen Landschaftsportraits der Brachwitzer Alpen.

Im April und Mai folgte eine Doppelausstellung von Alfred Wald und den behinderten Kindern und Erwachsenen des Lebenshilfe Halle e.V. Während der ehemalige Mitarbeiter des IPB mit filigranen und detailgetreuen Kreidezeichnungen von Rapsfeldern und Abbauhalden des Mansfelder Landes überzeugte, sorgten die fröhlichen Stillleben und Selbstportraits des Vereins für eine ausgelassene Stimmung während der Vernissage.

*Wenn einer eine Reise tut*, hieß die Ausstellung des bekannten Hallenser Malers und Grafikers Matthias Trinks genannt Beck, die das Institut von Mai bis Juni 2007 schmückte. Mit seinen Landschafts- und Architekturmotiven in Acryl agierte Trinks im Spannungsfeld von Licht und Schatten und fing damit einen energetischen Zustand ein: genau jener Moment, in dem die Stimmung kippt.

Um vielfältige Ein- und Ausdrücke ging es von Oktober bis Dezember bei der Ausstellung von Hanno Lehmann. Lehmann, der als ehemaliger Mitarbeiter des IPB bereits zum zweiten Mal am Institut ausstellte, zeigte seine neuesten Arbeiten mit Motiven aus Landschaft und Mythologie in der von ihm bevorzugten Drucktechnik, der Monotypie. Seine Bilder wurden plastisch umrahmt mit kunstvoll behauenen Pflanzschalen und



Fackelsteinen der Hallenser Steinmetzin Helena Korfu Stadtvilla, Acryl auf Seidenpapier von Matthias Trinks genannt Beck.

## MEDIENPRÄSENZ DES IPB

### ARTIKEL UND PRESSEMITTEILUNGEN

#### 6. Januar

Pausch, K. Flötentöne erklingen auf dem Campus. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 19.

#### 5. Februar

HALLENSER KÜNSTLERIN ZEIGT BRACHWITZER ALPEN AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 5. Februar

FLÖTENTÖNE AUF DEM CAMPUS. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 6. Februar

Vernissage: Brachwitzer Alpen im Leibniz-Institut. Infofoto zur Ausstellungseröffnung von Sabine Eberhard, *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 12.

#### 7. Februar

Musik in Mythen. *Wochenspiegel*, S. 7.

#### 16. Februar

Deutsch, M. 1400 Euro für Schüler eingespielt. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 11.

#### 2. April

KREIDEZEIT UND REFLEXIONEN AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 3. April

Färber, D. Vernissage im IPB. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 17.

#### 20. April

Deutsch, M. Junges Chemie-Ass siegt mit Gülle-Thema. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 13.

#### Mai

Wein, M. Das Netz der Netzwerke... Viermal Forschungsexzellenz in Halle an der Saale. *Scientia Hallensis 1/07*, S. 12-13.

#### 3. Mai

REISEIMPRESSIONEN VON MATTHIAS TRINKSGEN. BECK AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 8. Mai

Färber, D. Ausstellung auf dem Campus. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 11.

#### 1. Juni

GROSSE OSTDEUTSCHE STUDENTENKONFERENZ AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 7. Juni

Deutsch, M. Auch das Tagen will gelernt sein. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 17.

#### 18. Juni

HOPFEN GEGEN KREBS UND RHEUMA. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 29. Juni

STRASSE DER EXPERIMENTE ZUR LANGEN NACHT DER WISSENSCHAFT. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### Juli

Hempel, M. Eine Nacht lang Wissenschaft. *Seniorenzeit 2/2007*.

#### 6. Juli

Deutsch, M. Experimente zur Geisterstunde. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 16.

#### 10. Juli

Höhne, S. Pilz ist Viagra für Pflanzen. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 3.

#### 20. Juli

Höhne, S. Institut für Pflanzenbiochemie Halle - Sehr gute bis exzellente Bewertung. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 6.

#### Oktober

Stahl-Busse, B. Akribische Wissenschaft statt Zufallstreffer. *Leibniz 3/2007*, S. 6-7.

#### 10. Oktober

Hallescher Forscher Benno Parthier geehrt. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 2.

#### 15. Oktober

PHANTASIE IN DRUCK UND STEIN AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 17. Oktober

Färber, D. Kunst im IPB. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 16.

#### 19. Oktober

„Vielfalt der Monotypie“ zu sehen. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 8.

#### Dezember

Herbort-von Loeper, C. Ein schmerzlicher Prozess für neue Chancen. *Leibniz 4/2007*, S. 14-15.

#### 4. Dezember

NEUER GESCHÄFTSFÜHRENDER DIREKTOR AM LEIBNIZ-INSTITUT FÜR PFLANZENBIOCHEMIE. **PRESSEMITTEILUNG.**

#### 5. Dezember

Neuer Direktor. *Mitteldeutsche Zeitung*, S. 3.

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

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

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

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

[www.food-monitor.de](http://www.food-monitor.de)

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

### RADIOBEITRÄGE

#### 3. Juli

Schade, H. Hopfen und Malz - Gott erhalts. *mdr Figaro, Figaro am Mittag*.

#### 30. August

Kastein, J. Tatort Teller. Diskussion mit Dierk Scheel über *Pro* und *Contra* der Grünen Gentechnik. *mdr Figaro, Mitteldeutsches Forum*.

### FERNSEHBEITRAG

#### 26. Juni

Berlin, K. Hopfenausstellung am Institut. *mdr Fernsehen, Sachsen-Anhalt heute*.

### MITARBEIT

#### AN BROSCHÜREN

#### März 2007

Chemiedozententagung 2007. Redaktion, Satz und Layout: Sylvia Pieplow

#### Juni 2007

(H)ALLES FORSCHUNG. Redaktion: Carsten Heckmann, Andrea Iffert & Sylvia Pieplow. Layout: Sylvia Pieplow

## ANFAHRT UND IMPRESSUM



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

**REDAKTION & LAYOUT:** Sylvia Pieplow  
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 und andere

Copyright © August 2008. 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 2007.