



Grüßwort von Dr. Heider (BMEL)



World-Café



Moderiertes Gespräch mit Impulsgebern

© GFPI, proWeizen

„Die dann vorliegende Genomsequenz des Weizens bietet eine revolutionär neue Informationsgrundlage, die uns künftig ermöglichen soll, die Robustheit und den Ertrag der Pflanze zu steigern“, sagt Dr. Nils Stein (IPK Gatersleben).

Dabei stellt das Weizengenom eine besondere Herausforderung für die Wissenschaft dar. Das Brotweizengenom ist mit rund 17 Gigabasen nicht nur etwa fünfmal so groß wie das des Menschen. Es ist auch sehr komplex aufgebaut, da es aus sechs Chromosomensätzen aus drei verschiedenen Vorläufergenomen besteht und weite Bereiche nicht-kodierender repetitiver DNA enthält. Selbst moderne Techniken stoßen an ihre Grenzen, so dass die Erstellung einer qualitativen Referenzsequenz des Weizengenoms sehr aufwendig ist. Im neuen Projekt sollen nun zum einen die zwei Weizenchromosomen (2D und 6A) sequenziert sowie die gesamten bisher vorliegenden genomischen Daten zur strukturellen und funktionellen Beschreibung aller 21 Weizenchromosomen genutzt werden. Die neuen Erkenntnisse bilden die Grundlage für innovative Züchtungsansätze, in denen zielgerichtet neue, verbesserte Sorten gewonnen werden können.

Wesentliche Kerneigenschaften solcher neuen Sorten sind zum einen ein hoher, stabiler Ertrag bei gleichbleibender Qualität, und zum anderen dauerhafte Resistenzen sowie Toleranz gegenüber Hitze- und Trockenstress. Dabei werden ressourceneffiziente Sorten immer wichtiger werden in Kombination mit einem nachhaltigen, umweltschonenden Anbau. So wurde am Thementag Weizen deutlich, dass all diese Ziele nur dann erreichbar sind, wenn in der Landwirtschaft als ganzheitlichem System Wissenschaft, Wirtschaft, Politik und Praxis ineinandergreifen.

Wheat is one of the most important crops worldwide, and the demand for high quality grain from resource efficient plants is steadily growing. At the "Thementag Weizen", 95 participants from science, breeding, agriculture and politics discussed current and prospective challenges and solutions of wheat research and culturing practice. As the elucidation of the wheat genome sequence is a key component for future success, the BMEL invests 1.5 million € to fund two German genome research projects.



Status Seminar 2016

The venue is the **Kongresshotel Potsdam on the shore of Lake Templin.**

The agenda will include presentations on the progress made in the ongoing projects within the BMBF initiatives Plant Biotechnology, PLANT KBBE, DPPN, IPAS, BonaRes and other related projects.

The Status Seminar is an internal conference and is not open to the public. Therefore please check if you are eligible for attending the conference on the webpage.

Each principal investigator (PI) of ongoing PLANT 2030 related (sub-)projects mentioned above has to participate and present the progress made in the

respective projects. Scientists such as Postdocs and PhD-students involved in the PLANT 2030 related (sub-)projects are welcome to attend the seminar and to present their work on a poster. Members of former programs, such as Plant Biotechnology, PLANT-KBBE, AgroClustEr and BioEnergie 2021, are also welcome to join and actively participate in the seminar.

Registration for the Status Seminar 2016 is open now. Deadline for the early-bird registration is January 29, 2016.



Details are available via www.statusseminar.de

We look forward to your interesting contributions to the PLANT 2030 Status Seminar 2016!



Die PLANT 2030 Geschäftsstelle hat Verstärkung bekommen



„Pflanzen sind einfach faszinierend. Ich finde es wichtig, das spannende Wissen und die aktuelle Forschung über sie auch nach außen zu tragen.“

Nach ihrem Biologiestudium an der Johannes-Gutenberg-Universität Mainz und Lund University (Schweden) promovierte Hanna Berger an der Universität Bielefeld im Bereich der Algenbiotechnologie und Bioenergie und untersuchte die Regulation der Lichtsammlung. Die Pflanzenphysiologin setzte sich neben ihrer Forschung stets für die verständliche Vermittlung von Wissenschaft ein und unterstützt nun das PLANT 2030 Team. Herzlich willkommen!

Kontakt

Tel.: +49 (0)331 567 8914

Email: hberger@mpimp-golm.mpg.de

AUS DEN PROJEKTEN

Raps in seiner Vielfalt

Forscher des PLANT 2030 Projekts „Pre-Breed Yield: Zielgerichtete Züchtung zur Ertragssteigerung bei Raps“ entschlüsseln die genetische Vielfalt bei Raps, wie sie in Scientific Data veröffentlichten. Die Nature Publishing Group akzeptiert damit die Datenbank des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben als digitales Ressourcenzentrum.

Als Lieferant für Pflanzenöl und Biotreibstoff ist Raps eine der weltweit wichtigsten Kulturpflanzen. Durch züchterische Selektion unterscheiden sich moderne Sorten nur wenig in ihrer Erbsubstanz. Da genetische Vielfalt jedoch Grundlage für die Entwicklung robuster und ertragsstabiler Sorten ist, entschlüsselten Wissenschaftler des IPK Gatersleben zusammen mit universitären Partnern und Pflanzenzüchtern kürzlich die Erbsubstanz von 52 verschiedenen Rapsorten. Im Fokus des vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Projekts standen dabei Punktmutationen, die die Aktivität von Genen beeinflussen. Den gewonnenen hochqualitativen Datensatz stellen die Forscher auf IPK-Servern mittels der hauseigenen Software „e!DAL“ zur Verfügung.

„Dass die Nature Publishing Group den Datensatz veröffentlicht und unser e!DAL-Repository als Datenbank anerkennt, würdigt die qualitativ hochwertige Aufarbeitung dieser gewaltigen Datenmengen und zeichnet das IPK als digitales Ressourcenzentrum aus“, sagt Dr. Uwe Scholz (IPK Gatersleben).

• Schmutzer, T. et al. (2015): Species-wide genome sequence and nucleotide polymorphisms from the model allopolyploid plant *Brassica napus*. *Scientific Data* 2015: Vol. 2: Nr. 150072 DOI 10.1038/sdata.2015.72

Scientists of the BMBF funded PLANT 2030 project “Pre-Breed Yield” compared the genomes of 52 rapeseed variants and published the results in the journal *Scientific Data*. The Nature publishing group accepts the IPK Gatersleben e!DAL-Repository as digital resource center.

Mehr zum Thema: Die Vielfalt von Raps. Forscher zünden nächste Raketenstufe.
<http://bit.ly/1meQ8kY>



Pflanzenschädling programmiert Wurzeln mit eigenem Hormon um

Rübenzystennematoden produzieren ein Pflanzenhormon, das Wurzeln in ein hyperaktives Nährgewebe umwandelt. In einem vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Projekt untersuchen Forscher der Universität Bonn nun, welche Pflanzene Gene bei der Interaktion mit den Pathogenen wichtig sind und wie die Resistenz gegen die Würmer verbessert werden kann.



© CSIRO/ wikimedia.org/ CC BY 3.0

Der Rübenzystennematode (*Heterodera schachtii*) ist zwar weniger als ein Millimeter lang, führt aber als Erreger der gefürchteten „Rübenmüdigkeit“ im Zuckerrübenanbau zu riesigen Ertragseinbußen. Lange war jedoch nicht klar, wie die Würmer die Entwicklung eines Nährcellsystems im Inneren der Wurzel stimulieren, das sie als Nahrungsquelle nutzen.

Zusammen mit Wissenschaftlern aus Columbia (USA), Olomouc (Tschechische Republik), Warschau (Polen), Osaka (Japan) und der Freien Universität Berlin haben Forscher der Universität Bonn an der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) als Modellpflanze herausgefunden, dass Rübenzystennematoden das Pflanzenhormon Cytokinin selbst herstellen. So bringen die Würmer die Wurzelzellen dazu, sich vermehrt zu teilen, miteinander zu verschmelzen und schließlich anzuschwellen.

Das Resultat „kann dazu beitragen, das Problem der Zysten-nematoden in wichtigen landwirtschaftlichen Kulturen bald auch in der Praxis zu verringern“, sagt Prof. Dr. Florian Grundler (Universität Bonn).

Im dem vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Projekt PLANT-KBBE IV – NESTOR untersucht ein Forscherteam um Prof. Dr. Florian Grundler nun, welche Gene der Ackerschmalwand bei Nematodenbefall eine Rolle spielen und überträgt die Ergebnisse auf eine Anwendung bei Nutzpflanzen wie Tomate, Gurke und Zuckerrübe.

• Siddique et al. „A parasitic nematode releases cytokinin that controls cell division and orchestrates feeding site formation in host plants.“ *Proceedings of the National Academy of Sciences* 2015: Vol. 112(41):pp. 12669-12674. DOI: 10.1073/pnas.1503657112

Researchers showed that sedentary plant-parasitic cyst nematodes use a self-made plant hormone to reprogram root cells into a hypermetabolic feeding site. In the BMBF funded project PLANT-KBBE IV – NESTOR, the scientists now investigate plant genes with a key role in the plant-pathogen interaction in order to increase resistance against nematodes in crop plants.

Mehr zum Thema: Parasitäre Programmierung. Rübenzysten-Nematoden produzieren Pflanzenhormon Cytokinin. <http://bit.ly/1SZIs2a>



GEFÖRDERT VOM



BMBF – Förderung der wissenschaftlich-technologischen Zusammenarbeit mit Marokko

Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) unterstützt die Internationalisierung von Bildung und Forschung durch strategische Projektförderung im Rahmen der deutsch-marokkanischen Zusammenarbeit.

Die Maßnahme soll dazu dienen, gemeinsame Forschungsprojekte von gegenseitigem Interesse zu fördern und damit zu einer Intensivierung der wissenschaftlich-technologischen Zusammenarbeit mit Marokko beizutragen. Dabei werden unter anderem Projekte mit Schwerpunkt in den Lebensmittel- und Agrarwissenschaften gefördert.

Projektskizzen können bis zum 15. Februar 2016 elektronisch eingereicht werden. Weitere Informationen entnehmen Sie der aktuellen Bekanntmachung.

Call for proposals: The BMBF promotes the scientific and technological cooperation with Morocco. Deadline for proposals is February 15th 2016.

BMBF Initiative – Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur



Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) fördert den gezielten Aufbau eines deutschen Bioinformatik-Netzwerks. So soll der effiziente Einsatz von Zukunftstechnologien in allen Bereichen der lebenswissenschaftlichen Forschung gesichert und damit die Wettbewerbsfähigkeit des Forschungsstandorts Deutschland verbessert werden.

Sprunghafte Technologiefortschritte in analytischen Bereichen wie Sequenzierung, Omics-Verfahren und bildgebenden Methoden stellen große Anforderungen an die optimale Archivierung und Prozessierung der gewonnenen großen Datenmengen (*big data*). Das BMBF investiert daher in den Aufbau eines „Deutschen Netzwerkes für Bioinformatik-Infrastruktur“ (de.NBI), in dem die bisher aufgebauten Expertisen und Ressourcen auf diesem Gebiet gebündelt, koordiniert und an den gesteigerten Bedarf angepasst werden sollen.

Projektskizzen können bis zum 22. Februar 2016 elektronisch eingereicht werden.

Call for proposals: The BMBF announced a call for project proposals in the framework of the German network for bioinformatics infrastructure („Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur“; de.NBI). Deadline is February 22nd 2016.

Offizielle Bekanntmachung vom 11. 12. 2015 <http://bit.ly/1TZzGQH>

Offizielle Bekanntmachung vom 3. 11. 2015 <http://bit.ly/1Rmth4a>

TERMINE

Konferenzen und Workshops

Conferences and Workshops

08.-10.03.2016 · Bonn
German Society of Plant Breeding Conference 2016 (Haupttagung der GPZ)
<http://bit.ly/1P06OJd>

14.-15.03.2015 · Berlin
Pflanzen für die Bioökonomie – Welche Herausforderungen ergeben sich für die Qualität nachwachsender Rohstoffe?
<http://tagung.dgq.jki.bund.de>

11. - 12.04.2016 · Kuala Lumpur, Malaysia
The 3rd Plant Genomics Congress: Asia
www.globalengage.co.uk/plantgenomicsasia.html

09. - 10.05.2016 · London, Vereinigtes Königreich
4th Plant Genomics Congress: Europe
www.globalengage.co.uk/plantgenomics.html

23. - 27.05.2016 · Szeged, Hungary
9th International Triticale Symposium
www.triticale.hu/

01. - 02.06.2016 · Halle (Saale),
5th International Bioeconomy Conference
www.bioeconomy-conference.de

Weitere Konferenztermine, Stellenangebote und Ausschreibungen finden Sie auf [Pflanzenforschung.de](http://pflanzenforschung.de)



IMPRESSUM PLANT 2030 NEWS - Nr. 11 · Januar 2016
Redaktion Dr. Mathias Arlt (verantwortlich), Dr. Hanna Berger, Dr. Christiane Hilgard
Verlag PLANT 2030 Geschäftsstelle · c/o MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie · Am Mühlenberg 1 · 14476 Potsdam
Satz und Layout Dirk Biermann Grafik Design Potsdam · **Druck** Laserline Druckzentrum 13355 Berlin
 © 2015 PLANT 2030 Geschäftsstelle · ISSN (PDF): 2195-7584 · ISSN (Druck): 2195-7592
 Bildnachweis und Copyright : S. 1 © GFPI, proWeizen; Künstlerin: Gabriele Heinzel, gabriele-heinzel.com, S.2 © GFPI, proWeizen, S.3 © CSIRO/ wikimedia.org/ CC BY 3.0, S. 4 © Luke/ wikimedia.org/

GEFÖRDERT VOM

