



Foto: © M. Airt

„Die Landwirtschaft steht weltweit vor immer größeren Herausforderungen, die wachsende Weltbevölkerung zu ernähren. [...] Einen entscheidenden Beitrag dazu können neue Züchtungstechniken leisten.“

**Bundesforschungsministerin Johanna Wanka zu neuen Techniken in der Pflanzenzucht**

Förderung

## Nutzpflanzen der Zukunft

### Neue BMBF-Bekanntmachung zur Förderung der molekularen Pflanzenzüchtung

**Das Bundesministerium Bildung und Forschung (BMBF) unterstützt die Erforschung und Entwicklung von Nutzpflanzen, die auch unter schwierigen Standortbedingungen zuverlässig Erträge liefern oder über optimierte Inhaltsstoffe verfügen.**

Eine innovative, hochmoderne Pflanzenzüchtungsforschung ist ein essentieller Beitrag zu nachwachsenden Rohstoffen im Sinne einer biobasierten Wirtschaft. Zentrale Ziele sind dabei neben einer hohen Leistung der Nutzpflanzen stabile Erträge, verbesserte Resistenzen und Toleranzen sowie der Erhalt lokal angepasster Varietäten im Kontext der Biodiversität.

Das Ziel der Förderrichtlinie *Nutzpflanzen der Zukunft* ist es, zukunftsweisende Ansätze der molekularen Präzisionszüchtung von Kulturpflanzen zu entwickeln. Mit Hilfe von optimierten oder neuartigen CRISPR/Cas-Systemen und anderen fortschrittlichen Genome Editing-Verfahren sollen auch molekulargenetisch bisher schwer zugängliche Nutzpflanzen untersucht werden. Sowohl die Aufklärung der Funktion bisher wenig verstandener Gene als auch deren Wechselwirkungen in regulatorischen Netzwer-

ken soll entscheidend vorangetrieben werden. Es können Einzelprojekte oder in Ausnahmefällen Kleinstverbände mit einer maximalen Laufzeit von 24 Monaten eingeworben werden. Antragsberechtigt sind Hochschulen und außerhochschulische Forschungs- und Wissenschaftseinrichtungen sowie Unternehmen der gewerblichen Wirtschaft in der Europäischen Union, insbesondere kleine und mittlere Unternehmen (KMU). Frist für die Einreichung von Projektskizzen beim Projektträger Jülich ist der 27. Juni 2017.

*The BMBF supports research and development of exploratory technological approaches which can markedly improve or accelerate molecular precision breeding of crops using optimized or novel genome editing techniques. Deadline for the submission of proposals is June 27<sup>th</sup>, 2017.*

#### Inhalt

##### Förderung

#### Nutzpflanzen der Zukunft

Neue BMBF-Bekanntmachung zur Förderung der molekularen Pflanzenzüchtung

##### Neuigkeiten

#### Dialog-GEA

Das Informationsportal zu Genome Editing in der Landwirtschaft

##### Aus den Projekten

#### Entwurf des Roggengenoms

#### Erbgut von Gerste entschlüsselt

PLANT 2030 Forschungsgruppen präsentieren federführend das größte vollständig sequenzierte Genom

##### Editor's Pick

#### Das Muster von Gerstenähren

##### Rückblick

#### Salat aus der Flasche

PLANT 2030 auf dem Potsdamer Tag der Wissenschaften

#### Ankündigungen · Termine

Konferenzen & Workshops

GEFÖRDERT VOM



#### BMBF-Forschungsförderung: Nutzpflanzen der Zukunft

Technologisch ausgerichtete Pflanzenzüchtungsmethoden, insbesondere Genome Editing-Verfahren • maximale Laufzeit von 24 Monaten • in der Regel Einzelprojekte

**Offizielle Bekanntmachung:** [www.bmbf.de/foerderungen/bekanntmachung-1342.html](http://www.bmbf.de/foerderungen/bekanntmachung-1342.html)

**Forschungsförderung kompakt:** [www.pflanzenforschung.de/qr/NdZ-kompakt](http://www.pflanzenforschung.de/qr/NdZ-kompakt)

**Einreichungsfrist für Projektskizzen:** 27. Juni 2017



#### Lieber gedruckt?

Sie können diesen Newsletter auch in gedruckter Fassung per Post erhalten. Senden Sie einfach eine formlose Notiz an die Geschäftsstelle ([plant2030@mpimp-golm.mpg.de](mailto:plant2030@mpimp-golm.mpg.de)) unter Angabe Ihrer Adresse.

# Dialog-GEA

## Das Informationsportal zu Genome Editing in der Landwirtschaft



Im Juli 2017 geht die Informationsplattform Dialog-

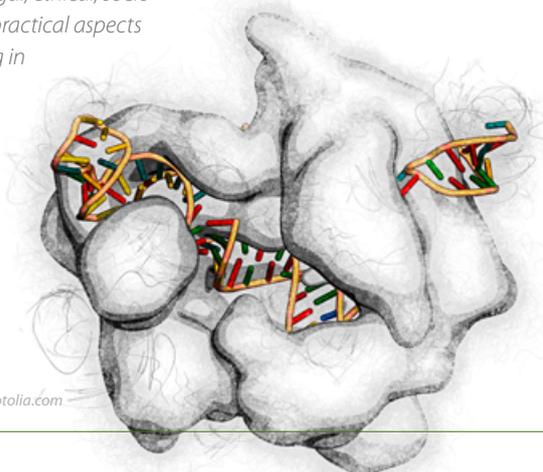
**GEA, „Das deutsche Portal zu Genome Editing in der Landwirtschaft“, online. Die Seite bietet einen interdisziplinären Blick auf die rechtliche und ethische Bewertung, auf den Nutzen und die Risiken in der Anwendung sowie den wirtschaftlichen und sozialen Einfluss von Genome Editing im deutschsprachigen Raum.**

Die neuen Techniken rund um Genome Editing werfen Fragen auf, die verschiedene Lebensbereiche betreffen. Diesen Fragen gehen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Projekts ELSA-GEA nach. Das vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderte Projekt (FKZ: 01GP1613) beschäftigt sich mit den ethischen, rechtlichen und sozioökonomischen Aspekten von Genome Editing in der Agrarwirtschaft. Dialog-GEA ist die Kommunikationsplattform von ELSA-GEA. Die Plattform lädt dazu ein, die unterschiedlichen Betrachtungsweisen von Genome Editing in der Landwirtschaft kennenzulernen.

Unter [www.dialog-GEA.de](http://www.dialog-GEA.de) werden die grundlegenden Prinzipien der einzelnen Genome Editing Methoden erklärt. Die von den Projektpartnern gesammelten Daten über den Einfluss von Genome Editing auf Pflanzen und Tiere werden anhand von praktischen Beispielen vorgestellt. Mittels Fallbeispielen untersuchen und erklären sie neutral den möglichen ökonomischen und gesellschaftlichen Einfluss von Genome Editing auf die landwirtschaftliche Wertschöpfungskette von der Züchtung bis zum Endprodukt. Ebenso ist die Diskussion des Verbraucheranspruchs auf die Wahlfreiheit beim Konsum von pflanzlichen und tierischen Produkten, die mit Hilfe der Genome Editing hergestellt werden, ein wichtiges Thema. Die Rechtsexperten vergleichen und bewerten die aktuelle nationale, europäische und internationale Rechtslage in den Bereichen Grund- und Menschenrechte, Biosicherheit und Verbraucherschutz.

Dialog-GEA.de öffnet einen umfassenden Zugang zu den Grundlagen und den neusten Ergebnissen aus der Wissenschaft. Das Portal bietet die Möglichkeit sich eine wissenschaftliche Meinung zu Genome Editing in der Landwirtschaft zu bilden.

*The information platform [dialog-gea.de](http://dialog-gea.de), the "German portal on genome editing in agriculture", will launch July 2017. The web portal offers an interdisciplinary view on legal, ethical, socio-economical and practical aspects of genome editing in agriculture.*



Grafik: © molekuul.be - Fotolia.com

# Entwurf des Roggengenoms

**Das PLANT 2030 Projekt RYE-SELECT stellte einen Sequenzentwurf des Erbguts von Roggen in *The Plant Journal* vor. Die Ergebnisse stellen einen Durchbruch für vergleichende genetische Analysen wichtiger Getreidearten und deren züchterische Verbesserung dar.** Die veröffentlichte Studie schließt eine Lücke in der Getreideforschung. Während die Genomsequenzen der verwandten Getreidearten Gerste und Weizen bereits vorlagen, wurde nun auch das Erbgut von Roggen entschlüsselt. Roggen (*Secale cereale* L.) hebt sich durch eine besonders hohe Toleranz gegenüber abiotischem Stress wie Frost, Trockenheit oder nährstoffarmen Böden von anderen Gräsern ab. Insbesondere in Zentral- und Osteuropa wird er für die Produktion von Nahrungs- und Futtermitteln sowie Bioenergie genutzt.



*Circos-Plot, das die genomische Vielfalt von Roggen und der Wildart *Secale vavilovii* zeigt. Fotomontage © Jean-Michel Pape und Thomas Schmutzer/IPK Gatersleben*

PLANT 2030 Forschungsgruppen konnten nun einen Sequenzentwurf des Roggengenoms präsentieren. Dazu untersuchten sie zum einen die Roggen-Inzuchtlinie Lo7 und zum anderen den wilden Verwandten *Secale vavilovii* sowie zehn weitere Roggenlinien. Durch Vergleiche fanden sie 90 Millionen Unterschiede auf Nukleotidebene, die für die Entwicklung molekularer Marker für die Züchtung bedeutsam sind. Insgesamt wurde von dem 7,9 Milliarden Basenpaare umfassenden Roggengenom etwa ein Drittel in sehr guter Abdeckung sequenziert. Darin lokalisierten die Forschenden knapp 28.000 Gene. Wie bei anderen Getreiden bestehen mehr als vier Fünftel des Erbguts aus repetitiven Abschnitten, die eine Herausforderung für die genaue Entschlüsselung des Genoms darstellen. Die genfreien Bereiche konnten die Forschungsgruppen zwar noch nicht vollständig in die richtige Reihenfolge bringen, aber jeweils den einzelnen Chromosomen zuweisen.

*„Mit der Entschlüsselung des Roggengenoms untersuchten wir auch dessen herausragende genetische Diversität“, erläutert Eva Bauer (TU München), Erstautorin der Studie.*

Das Projekt RYE SELECT wurde vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) über vier Jahre gefördert. Beteiligt waren das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben, die Technische Universität (TU) München, die Universität Hohenheim, das Helmholtz Zentrum München, das Julius Kühn-Institut Quedlinburg und die KWS-Lochow GmbH. Ziel des Projekts war die Verbesserung genombasierter Züchtungsstrategien bei Roggen.

• Bauer et al., „Towards a whole-genome sequence for rye (*Secale cereale* L.)“  
In: *The Plant Journal* 2017, Vol. 89, 853–869. DOI: 10.1111/tpj.13436

*Scientists of the PLANT 2030 project RYE-SELECT presented a draft genome sequence of rye in *The Plant Journal*. They deciphered one third of the 7.9 Mbp genome in high resolution.*

**Zum Weiterlesen**

**Das Roggengenom ist entschlüsselt:  
Züchter brauchen dieses Wissen für bessere Pflanzen.**  
[www.pflanzenforschung.de/qr/rooggengenom](http://www.pflanzenforschung.de/qr/rooggengenom)

# Erbgut von Gerste entschlüsselt

## PLANT 2030 Forschungsgruppen präsentieren federführend das größte vollständig sequenzierte Genom

**Gerste zählt zu den bedeutendsten Getreiden. Ein Konsortium aus zehn Nationen veröffentlichte nun nach zehn Jahren intensiver Arbeit die erste vollständige Sequenz des Gerstengenoms in den Fachjournalen *Nature* und *Scientific Data*. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) förderte das Vorhaben über die Projekte BARLEX und TRITEX mit insgesamt rund 10 Millionen Euro.**



Das an der Studie maßgeblich beteiligte Forschungsteam des IPK Gatersleben. Um die Ausgabe des *Nature Journals* gruppieren sich Nils Stein (l) und Martin Mascher (r).  
Bild ©Roxana Lange/IPK

Gerste (*Hordeum vulgare* L.) nimmt als Grundbestandteil von Bier und Tierfutter Platz vier unter den wichtigsten Getreidepflanzen ein. Bislang ließen sich jedoch moderne molekularbiologische Züchtungsmethoden zur Verbesserung von Ertrag und Resistenz bei dieser Nutzpflanze kaum anwenden, da keine vollständige Sequenz des Erbguts von ausreichend guter Qualität vorlag.

Dies ändert die Arbeit des *International Barley Sequencing Consortium* (IBSC), das nun das erste vollständige Referenzgenom von Gerste vorlegen konnte. Sowohl die Größe als auch die Komplexität des Gerstenerbguts stellten die Forschenden vor Herausforderungen. Mit 5,2 Milliarden Basenpaaren ist es das bisher größte vollständig sequenzierte Genom. Die rund 39.000 Gene machen dabei nur etwa drei Prozent des Erbguts aus. Etwa 80 Prozent bestehen dagegen aus komplexen, repetitiven DNA-Sequenzen. Das Forschungsteam konnte zeigen, dass die repetitiven Einheiten vor allem in mittleren Bereichen der Chromosomen vorhanden sind, während Gene eher an den Enden zu finden sind. Was genau diese Kompartimentierung verursacht und welche Rolle die repetitiven Sequenzen in der Evolution von Gerste spielen, ist bislang nicht bekannt und soll in Zukunft erforscht werden.

„Das umfangreiche Datenmaterial, zunächst vorliegend als fragmentierte, kurze Sequenzen, wurde von Bioinformatikern mit modernsten Methoden zu einer linearen Ordnung zusammengesetzt“, erläutert Martin Mascher (IPK Gatersleben), einer der Erstautoren der in *Nature* publizierten Studie.



Die Veröffentlichung des Gerstengenoms schaffte es auf die Titelseite der *Nature* Ausgabe. Cover Bild: Gerd Ludwig/NGC  
©2017 Macmillan Publishers Limited

Das IBSC wurde 2006 initiiert und seit 2008 von Nils Stein vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben koordiniert. An den vom BMBF geförderten Projekten BARLEX und TRITEX waren in Deutschland außerdem Gruppen des Helmholtz Zentrums München, des Julius Kühn-Instituts Quedlinburg und des Leibniz-Instituts für Altersforschung (FLI) Jena beteiligt. 2012 veröffentlichte das Konsortium bereits eine physikalische Karte des Gerstengenoms, die als Basis für die Entwicklung der Referenzsequenz diente.

„Die Sequenzierung und Zusammensetzung des Gerstengenoms war eine wahrhaft internationale Zusammenarbeit“, erklärt Nils Stein (IPK Gatersleben), Leiter des IBSC. „Unser Dank geht an die öffentlichen und privaten Förderer, welche an den Erfolg des Projektes glaubten und unsere wissenschaftliche Arbeit in den letzten zehn Jahren getragen haben.“

Das nun entschlüsselte Erbgut stammt aus der malzenden Gerstensorte Morex. Zusätzlich zur Referenz-Sequenz erstellte das Forschungsteam 96 Teilsequenzen von besonders ertragreichen Gerstensorten. Mit ihrer Arbeit lieferten sie eine wertvolle Basis, um neue schädlingsresistente und qualitätsverbesserte Sorten zu züchten.

- Mascher et al. „A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome.“  
In: *Nature* 2017, Vol. 544, 427-33. DOI: 10.1038/nature22043.
- Beier et al. „Construction of a map-based reference genome sequence for barley, *Hordeum vulgare* L.“  
In: *Scientific Data* 2017, Vol. 4, Nr. 170044. DOI: 10.1038/sdata.2017.44.

*The International Barley Sequencing Consortium published the first complete reference genome of the major cereal barley in the renowned journals Nature and Scientific Data. PLANT 2030 scientists of the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research Gatersleben, Helmholtz Zentrum München, Julius Kühn Institute Quedlinburg and Leibniz Institute on Aging Jena played a leading role in the extensive research. The German Federal Ministry of Education and Research funded the work with ten million euros via the projects BARLEX and TRITEX over the last ten years. The reference genome opens new possibilities to develop high quality and pest resistant barley varieties.*

### Zum Weiterlesen

**Genom der Gerste sequenziert: Basis für schädlingsresistente und qualitätsverbesserte Sorten.**  
[www.pflanzenforschung.de/qr/gerstengenom](http://www.pflanzenforschung.de/qr/gerstengenom)

**PLANT 2030 Projektdatenbank**  
[www.pflanzenforschung.de/qr/projektdatenbank](http://www.pflanzenforschung.de/qr/projektdatenbank)

# Das Muster von Gerstenähren



Eine unreife Gerstenähre zeigt das Cover der Ausgabe. © 2017 Macmillan Publishers Limited

**Die Regulation des Zucker- und Hormonhaushalts beeinflusst maßgeblich die Architektur von Gerstenähren.** Die Getreideernte hängt entscheidend davon ab, wie viele Körner die Feldfrüchte ausbilden. Ein internationales Forschungsteam rund um Thorsten Schnurbusch vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben hat einen zentralen Mechanismus zur Regulation der Ährenarchitektur bei Gerste entdeckt und im Fachblatt *Nature Genetics* veröffentlicht.

Im Fokus der Studie ist der Transkriptionsfaktor VRS2. Pflanzen mit verändertem vrs2-Gen zeigten eine verzögerte Entwicklung und eine ungewöhnliche Architektur mit überzähligen fruchtbaren Ährchen an der Basis der Ähre. Das Forschungsteam konnte zeigen, dass VRS2 den Zucker und Hormonhaushalt beeinflusst und so eine wichtige Rolle für das Wachstum und die Entwicklung der Pflanzen spielt.

Die Forscher des IPK Gatersleben nutzen die Ergebnisse und möchten im vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten PLANT 2030 Projekt OSIRIS durch eine modifizierte Ähren-Architektur eine Erhöhung der Kornzahl pro Getreidepflanze erlangen.

• Youssef et al. „VRS2 regulates hormone-mediated inflorescence patterning in barley.“ In: *Nature Genetics* 2017, Vol. 49, 157-161. DOI: 10.1038/ng.3717

## Zum Weiterlesen

**Mustergültig angeordnet: Protein VRS2 steuert die Architektur der Gerstenähren.**

[www.pflanzenforschung.de/qv/vrs2](http://www.pflanzenforschung.de/qv/vrs2)

Rückblick

# Salat aus der Flasche

## PLANT 2030 auf dem Potsdamer Tag der Wissenschaften

Die Unter dem Motto „Forschen.Entdecken.Mitmachen.“ strömten mehr als 15.000 Besucher am fünften Potsdamer Tag der Wissenschaften vom 13. Mai 2017 in die Labore, Gewächshäuser und Ideenschmieden. Das PLANT 2030 Team präsentierte ein einfach selbst zu bauendes System, bei dem Flaschen zum Anbau von Salat und Kräutern wiederverwendet werden, und kam so mit zahlreichen Interessierten ins Gespräch über die Forschungsprojekte in der angewandten Pflanzenforschung.



Foto: © M. Arlt

The PLANT 2030 team presented a do-it-yourself plant cultivation system at the fifth "Potsdamer Tag der Wissenschaften" on May 13th and had inspiring conversations about plant research with plentiful visitors.

# Konferenzen & Workshops

12.–16.06.2017 · Wernigerode

## 8th Intern. Triticeae Symposium 2017

Das Symposium bringt seit 1991 Menschen, die Triticeae-Gräser erforschen, zusammen, um sich über den Fortschritt auszutauschen und zukünftige Forschungsrichtungen zu diskutieren.

<http://bit.ly/2ndupOW>

03.–07.09.2017 · Gießen

## GPGR4 Symposium

Auf dem 4. internationalen Symposium „Genomics of Plant Genetic Resources“ geht es um die Zukunft pflanzen genetischer Ressourcen.

[www.gpgr4.org](http://www.gpgr4.org)

11.–12.09.2017 · Potsdam-Golm

## Plants and People Conference

Die Konferenz bringt eine einzigartige Mischung internationaler Referenten der Pflanzenforschung und weiterführender Aspekte der Forschungswelt zusammen.

<http://plants-and-people.mpg.de>

17.–21.09.2017 · Kiel

## Botanikertagung 2017

Die Forschung an Nutzpflanzen ist in diesem Jahr ein zentrales Thema der Konferenz der Deutschen Botanischen Gesellschaft.

[www.botanikertagung2017.de](http://www.botanikertagung2017.de)

25.–27.09.2017 · Gatersleben

## BBB – Basic Bioinformatics training for Biologists

Die Summer School gibt einen praxisorientierten Überblick über bioinformatische Programme für die Verarbeitung von Datensätzen. Sie wird innerhalb der PLANT 2030 ACADEMY in Kollaboration mit de.NBI organisiert.

[www.plant2030.de/academy](http://www.plant2030.de/academy)



## Gefürchtete Pilzkrankheiten

Pilzkrankheiten sind seit Beginn des Ackerbaus eine Bedrohung für Ertrag und Qualität der Ernteprodukte. Daher suchen Menschen seit jeher Wege und Mittel gegen ihre Verbreitung. Die Bildstrecke zeigt im Zusammenspiel mit einem Hintergrundartikel auf [pflanzenforschung.de](http://pflanzenforschung.de) das Wettrüsten zwischen Erregern, Pflanzen und den Menschen.

## Zum Weiterlesen und zur Bildstrecke

**Wer rastet, der rostet: Pilzkrankheiten, ihre Bedeutung und Geschichte.**

[www.pflanzenforschung.de/qv/pilzkrankheiten](http://www.pflanzenforschung.de/qv/pilzkrankheiten)



**Impressum** PLANT 2030 NEWS · Nr. 17 · Juni 2017 **Redaktion** Dr. Matthias Arlt (verantwortlich), Dr. Hanna Berger, Dr. Christiane Hilgardt

**Verlag** PLANT 2030 Geschäftsstelle · MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie · Am Mühlenberg 1 · 14476 Potsdam

**Satz und Layout** Dirk Biermann Grafik Design Potsdam · **Druck** Laserline Druckzentrum 13355 Berlin

© 2017 PLANT 2030 Geschäftsstelle · ISSN (PDF): 2195-7584 · ISSN (Druck): 2195-7592

**Bildnachweis und Copyright:** S. 1: © M.Arlt, S. 2: molekuel.be - Fotolia.com, © Jean-Michel Pape und Thomas Schmutzer/IPK Gatersleben,

S. 3: ©Roxana Lange/IPK, Gerd Ludwig/NGC ©2017 Macmillan Publishers Limited, S. 4: © 2017 Macmillan Publishers Limited,

© M.Arlt, ©PDH/wikimedia.org; CC0

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium für Bildung und Forschung