



# Der Entwurf des Brotweizengenoms

© Silverpics - Fotolia.com

## AUS DEN PROJEKTEN

- Der Entwurf des Brotweizengenoms
- Das Genom der Wildtomate *Solanum pennellii*

## FÖRDERUNG

- Ausschreibung für gemeinsame Projekte zwischen Deutschland und Alberta
- Aufruf zur Einreichung von Forschungsideen: HeDWIG

## RÜCKBLICK

- TRANSBULB auf den DLG Feldtagen 2014

## TERMINE

- Konferenzen und Workshops

**Das Internationale Weizen-Genom-Sequenzierungskonsortium (IWGSC) hat im Juli 2014 einen chromosomenbasierten Entwurf des Brotweizengenoms in *Science* veröffentlicht. Insgesamt sind in der Ausgabe vier eng verzahnte Forschungsartikel erschienen, die vom strategischen Vorgehen und den Fortschritten auf dem Weg zu einer vollständigen Referenzsequenz des Brotweizengenoms sowie dem Verständnis seiner Organisation, Regulation und Entstehung berichten.**

Mit einer Größe von 17 Gigabasen, drei individuellen Subgenomen und einem äußerst hohen Anteil an repetitiven Elementen galt die Rekonstruktion des Brotweizengenoms lange Zeit als nahezu unmögliches Unterfangen. Der nun vom IWGSC veröffentlichte Entwurf der 21 Chromosomen des Brotweizens (*Triticum aestivum*) ist daher ein Meilenstein auf dem Weg zur vollständigen Referenzsequenz und dem Verständnis der zugrundeliegenden regulatorischen Mechanismen der Adaptationsfähigkeit des Brotweizens.

Der Entwurf basiert auf der Isolierung individueller Chromosomenarme und umfasst 124.201 identifizierte Genloci, von denen mehr als 75.000 entlang der Chromosomen verortet werden konnten. Vergleichende Genomanalysen beleuchten die Rolle der dynamischen Prozesse, die das große und redundante Genom des Brotweizens prägten. Detaillierte Einblicke in die Regulation homologer Gene im hexaploiden Genom konnten in entwicklungs- und gewebeabhängige Expressionsstudien gewonnen werden.

Ziel des IWGSC ist die vollständige Referenzsequenz des Brotweizengenoms, die innerhalb der kommenden drei Jahre publiziert werden könnte. In dieser Ausgabe von *Science* ist nun bereits die detaillierte Referenzsequenz des Chromosoms 3B, des größten Chromosoms des Brotweizens, erschienen. Die hochqualitative Sequenz enthüllt die strukturellen und funktionalen Regulationsmuster des Chromosoms und weist das methodische Konzept zur vollständigen Genomsequenz.

Auch die beiden weiteren in derselben Ausgabe von *Science* erschienenen For-

## 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.

schungsartikel tragen erheblich zum Verständnis der Genombiologie des Brotweizens bei: Auf Grundlage des Entwurfs konnte der phylogenetische Ursprung der drei Subgenome rekonstruiert werden. Ferner wurden raumzeitliche Aspekte der zelltypspezifischen Expression homologer Gene im sich entwickelnden Weizenkorn untersucht.

**„The new insights into the biology of the wheat genome now enable to identify genes and markers for breeding more rapidly.“**

Dr. Klaus Mayer vom Helmholtz Zentrum München (PI im IWGSC)

An der Erstellung Genomentwurfs waren mehr als 100 Wissenschaftler aus 15 Nationen beteiligt, maßgeblich auch zahlreiche Wissenschaftler vom Helmholtz Zentrum München und vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben, die auch vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) innerhalb der Initiativen GABI – Genomanalyse im biologischen System Pflanze und PLANT 2030 gefördert wurden.

Die Ergebnisse sind bahnbrechend und ein großer Erfolg für die gesamte Community der Pflanzenforschung. Auch Weizenzüchter können bereits jetzt von den Erkenntnissen enorm profitieren und in die schnelle Entwicklung zukunftsfähiger Weizensorten investieren.

- *The International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC) “A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (Triticum aestivum) genome”, Science 2014: Vol. 345(6194) DOI: 10.1126/science.1251788*
- *Choulet et al. “Structural and functional partitioning of bread wheat chromosome 3B”, Science 2014: Vol. 345(6194) DOI: 10.1126/science.1249721*

- *Marcussen et al. “Ancient hybridizations among the ancestral genomes of bread wheat”, Science 2014: Vol. 345(6194) DOI: 10.1126/science.1250092*
- *Pfeifer et al. “Genome interplay in the grain transcriptome of hexaploid bread wheat”, Science 2014: Vol. 345(6194) DOI: 10.1126/science.1250091*

**The genetic blueprint of bread wheat**

The International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC) published a chromosome-based draft sequence of the bread wheat genome in *Science* in July 2014. Overall, four closely related research articles appeared in this issue, which report on strategic approaches and progress on the way to the complete reference sequence of the bread wheat genome and the understanding of its organization, regulation and development.

**Weitere Beiträge und Links**



**„Weizen ist der Popstar unter den Getreiden!“**

Interview mit Dr. Klaus Mayer vom Helmholtz Zentrum München (PI im IWGSC) auf Pflanzenforschung.de: <http://bit.ly/1vanmFf>

**Dirigenten im Genom. Wichtige Schritte auf dem Weg zur vollständigen Sequenz des Weizen-genoms auf Pflanzenforschung.de:** <http://bit.ly/1mISfx6>

**The International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC)** [www.wheatgenome.org](http://www.wheatgenome.org)

# Das Genom der Wildtomate *Solanum pennellii*



**Das Genom der Wildtomate *Solanum pennellii* und detaillierte Analysen der genetischen Grundlagen ihrer Stresstoleranz wurden im Juli 2014 in *Nature Genetics* veröffentlicht.**

Im Rahmen einer großangelegten internationalen Kooperation wurde unter der Leitung von Alisdair Fernie vom Max-Planck-Institut für molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam und Björn Usadel

von der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen und dem Forschungszentrum Jülich das Genom der Wildtomate *Solanum pennellii* sequenziert und in Hinblick auf die genetischen Grundlagen ihrer Stresstoleranz analysiert.

**„Mit Hilfe der enthaltenen genetischen Information können die molekularen Grundlagen bestimmter Merkmale zukünftig schneller und genauer charakterisiert werden.“**

Prof. Dr. Björn Usadel von der RWTH Aachen und dem FZ Jülich

Die in den Anden endemisch auftretende *S. pennellii* weist eine ausgeprägte Toleranz gegenüber Trockenheit, hohe Salzkonzentrationen und zahlreiche weitere Stressfaktoren auf. Durch die Erzeugung von

Introgressionslinien von Kulturtomaten (*S. pennellii* x *S. lycopersicum*) konnte in der Vergangenheit eine Vielzahl verantwortlicher Regionen im Genom der Wildtomate identifiziert werden. Doch waren die molekularen Details der relevanten Gene bisher nicht hinreichend bekannt. Die Sequenzdaten des Genoms liefern nun die Grundlage für ein tieferes Verständnis der Stresstoleranz. Die Autoren definierten bereits zahlreiche Kandidatengene, die mit der Ausprägung bestimmter quantitativer Merkmale der Wildtomate in unmittelbarem Zusammenhang stehe. Auch konnte gezeigt werden, dass Transposons eine tragende Rolle bei der Entwicklung dieser Merkmale spielten.

- *Bolger et al. „The genome of the stress-tolerant wild tomato species *Solanum pennellii*“, Nature Genetics 2014 DOI:10.1038/ng.3046*

**Das Forschungsprojekt wurde auch im Rahmen des BMBF geförderten PLANT 2030-Projekts PPD mitfinanziert.**

**The Genome of the wild tomato *Solanum pennellii***

The genome of *Solanum pennellii*, a wild relative of the domestic tomato, and detailed analyses concerning stress tolerance were published in *Nature Genetics* in July 2014.

**Mehr zum Thema: Wild und tolerant. Gene der Wildtomate für Stresstoleranz identifiziert auf Pflanzenforschung.de:** <http://bit.ly/1IX76xZ>



# Ausschreibung für gemeinsame Projekte zwischen Deutschland und Alberta (Kanada)



Deutschland und Alberta veröffentlichten eine Ausschreibung für gemeinsame Forschungs- und Entwicklungsprojekte (FuE-Projekte) zwischen kleinen und mittleren Unternehmen (KMUs).

## Call for proposals for joint projects between Germany and Alberta (Canada)

Germany and Alberta announced a call for proposals for joint R&D projects of small and medium sized enterprises (SMEs).

**Offizielle Bekanntmachung** <http://bit.ly/1qY1awm>  
**Ausführliche Informationen** [www.zim-bmwi.de/koooperationsprojekte](http://www.zim-bmwi.de/koooperationsprojekte)

Das Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMWi) und das Ministerium für Unternehmen und höhere Bildung von Alberta (AIAE) ermöglichen den Zugang zu öffentlichen Fördermitteln für gemeinsame Projekte. Der Fokus der Projekte soll auf der Entwicklung innovativer Produkte, Verfahren oder technischer Dienstleistungen aus allen Technologie- und Anwendungsbereichen mit großem Marktpotential liegen. In Deutschland erfolgt die Förderung im Rahmen des Zentralen Innovationsprogramms Mittelstand (ZIM).

Bis zur Einreichungsfrist am 19. September 2014 müssen alle Partner eines FuE-Projekts einen kurzen gemeinsamen Antrag stellen. Weiterhin muss ein gemeinsamer Kooperationsvertrag vorliegen.

## FÖRDERUNG

### Aufruf zur Einreichung von Forschungsideen:

# Konsortium zur Optimierung von Weizen gegenüber Hitze- und Trockenstress – HeDWIC



Die Consultative Group on International Agriculture's (CGIAR) Research Program on Wheat (CRP WHEAT) plant die Etablierung einer multidisziplinären Partnerschaft zur Bündelung globaler Expertisen und Ressourcen zur Nahrungssicherung der Zukunft.

Zum Auftakt der Initiative und zur Diskussion neuer Lösungsansätze lädt die CGIAR im Rahmen einer Konferenz zur Präsentation eigener Forschungsideen ein. Die Veranstaltung findet vom 1. bis 4. Dezember 2014 in Frankfurt am Main statt. Unter den Teilnehmern wird auch eine Reihe von Förderorganisationen sein, die ihr Interesse an der Initiative bekundet haben. Anträge zur Teilnahme können bis zum 1. September gestellt werden.

### Call for research ideas: Heat and Drought Wheat Improvement Consortium - HeDWIC

The Consultative Group on International Agriculture's (CGIAR) Research Program on Wheat (CRP WHEAT) will establish a multidisciplinary partnership to unite global expertise and resources in future food security.

**Ausschreibung und Bewerbung**  
<http://form.jotform.us/form/41814866753161>

## RÜCKBLICK

# TRANSBULB auf den DLG Feldtagen 2014

Auf dem Gelände des Internationalen DLG-Pflanzenbauzentrums in Bernburg-Strenzfeld informierten sich in diesem Jahr mehr als 23.000 Fachbesucher über die Facetten des



modernen Pflanzenbaus. Im Themenzentrum „Treffpunkt Pflanzenzüchtung“, das vom Bundesverband Deutscher Pflanzenzüchter e.V. (BDP) geleitet wurde, präsentierte die PLANT 2030 Geschäftsstelle das Projekt TRANSBULB „Genomics-basierter Ansatz zur Nutzbarmachung des sekundären Genpools für eine nachhaltige Gersteszüchtung“ (Pflanzenbiotechnologie der Zukunft).

Die Besucher konnten sich anhand von Informationsmaterialien, Führungen, Aktionen und anschaulichen Exponaten umfassend über das Projekt und über aktuelle Fragen und Ansätze der modernen Pflanzenforschung informieren. Im Rahmen einer Podiumsdiskussion wurde die zentrale Bedeutung der öffentlichen Forschungsförderung hervorgehoben. Neben zahlreichen Interessenvertretern, Fachjournalisten, Wissenschaftlern und Pflanzenzüchtern besuchte auch Bundesminister Christian Schmidt den PLANT 2030-Stand. **Die PLANT 2030 Geschäftsstelle unterstützt konzeptionell und redaktionell auch gerne andere Forschungsprojekte bei der Darstellung ihrer Arbeit in der Öffentlichkeit.**

### TRANSBULB at DLG Feldtage 2014

At the International DLG-Pflanzenbauzentrum in Bernburg-Strenzfeld more than 23,000 visitors informed themselves about the facets of modern crop production. In the „Plant Breeding Center“ which has been organized by the Federal Association of German Plant Breeders (BDP), the PLANT 2030 Managing Office presented the project TRANSBULB „Genomics-based approach for the utilization of the secondary gene pool for sustainable barley breeding“ (Plant Biotechnology).

**TRANSBULB in der Projektdatenbank auf Pflanzenforschung.de:** <http://bit.ly/1kDlqYM>





# Status Seminar 2015

**The PLANT 2030 Status Seminar 2015 will take place in Potsdam from March 4 to 6, 2014.**

Venue will be the Kongresshotel Potsdam on the shore of Lake Templin.

The agenda will include presentations on the progress made in running projects of Plant Biotechnology, PLANT KBBE and related programs.

There will be a conference dinner, a dedicated poster session as well as keynote lectures by outstanding international plant scientists.



## TERMINE

# Konferenzen und Workshops

## *Conferences and Workshops*

09. - 10.09.2014 • Berlin

**Mit Pflanzenzüchtung zum Erfolg**

23. - 25.09.2014 • Kiel

**GPZ Congress on Genetic Variation in Plant Breeding**

24. - 25.09.2014 • Terneuzen

**3rd International Seaweed Conference**

25. - 27.09.2014 • Copenhagen

**European Field Phenotyping Workshop**

28.09. - 02.10.2014 • Kladovo

**Vth Congress of the Serbian Genetic Society**

29.09. - 01.10.2014 • Bonn

**International CROP.SENSE.net Symposium**

05. - 08.10.2014 • Saskatoon

**ABIC 2014**

06. - 10.10.2014 • Herrsching

am Ammersee  
**Synbreed Summer School 2014**

29. - 31.10.2014 • Palais des Congrès

Beaune  
**PhenoDays 2014**

02. - 03.12.2014 • Gent

**8th International Algae Congress**



© .shock - fotolia.com

Weitere Konferenztermine, Stellenangebote und Ausschreibungen finden sich auf [Pflanzenforschung.de](http://Pflanzenforschung.de) unter PLANT 2030



**IMPRESSUM** PLANT 2030 NEWS - Nr. 7 · August 2014 · **Redaktion** Dr. Matthias Arlt (verantwortlich), Dr. Christiane Hilgardt

**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

© 2014 PLANT 2030 Geschäftsstelle · ISSN (PDF): 2195-7584 · ISSN (Druck): 2195-7592

Bildnachweis und Copyright S.1: © Silverpics - Fotolia.com; S.2: © R. Knäuf, A. Vogel – RWTH Aachen/ FZ Jülich;

S.3: © Christophe Schmid – Fotolia.com, © Ben - Fotolia.com, © M. Arlt - PLANT 2030; S.4: © M. Arlt - PLANT 2030, © .shock - fotolia.com

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium für Bildung und Forschung