



Max-Planck-Institut
für Molekulare Pflanzenphysiologie

Pflanzen sind unsere Leidenschaft

25 Jahre
Max-Planck Pflanzenforschung
in Potsdam-Golm
1994 – 2019



MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT



Pflanzen sind Wunder-voll

Sie stehen auf unserer Fensterbank und wachsen in unserem Garten, wir verschenken sie zu den verschiedensten Anlässen und eine Hochzeit ohne sie ist kaum denkbar.

Aber nicht nur das: Ohne Pflanzen kein Essen, keine Luft zum Atmen und keine Natur. Pflanzen sind autark. Was sie zum Wachstum und zur Entwicklung benötigen, beziehen sie aus dem Sonnenlicht, der Atmosphäre und dem Boden. Sie sind schön und wir sind abhängig von ihnen.

Aufgrund ihrer Standortgebundenheit sind sie extrem anpassungsfähig. Sie entwickeln die vielfältigsten Überlebensstrategien, um mit widrigsten Umweltbedingungen oder Feinden klar zu kommen. Es gibt sie in großer Vielfalt und vielfältigen Variationen. Sie bilden die unterschiedlichsten Lebensräume und liefern so die Voraussetzung für die Artenvielfalt.

Pflanzen sind unabdingbar für menschliches und tierisches Leben auf der Erde. Die Untersuchung von Pflanzen auf verschiedenen Ebenen ermöglicht es uns sie besser zu verstehen, damit wir uns auch zukünftig an ihnen erfreuen können und unsere Lebensgrundlage gesichert bleibt.

Mission des Instituts

Entwicklung eines umfassenden und ganzheitlichen physiologischen Ansatzes für die Pflanzenforschung durch Kombination von molekulargenetischen Werkzeugen mit neuartigen biochemischen und physiologischen Methoden, unter Einbeziehung verschiedener Wissenschaftszweige und Wissenschaftsdisziplinen.

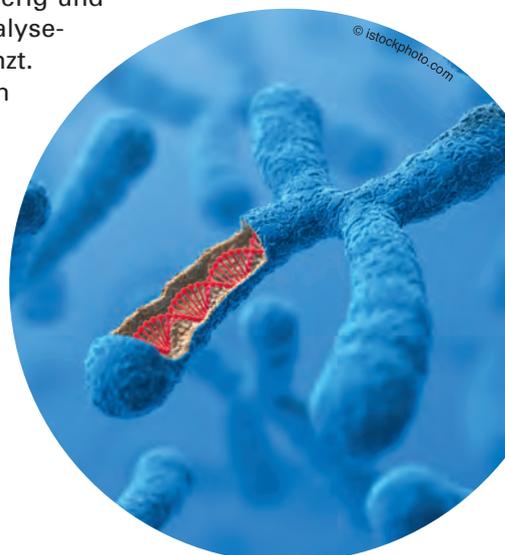
Neue Entwicklungen führen zu neuen Ansätzen – Alte Ansätze erfordern neue Methoden

Neue Techniken aus der noch jungen Disziplin der Molekularbiologie führten im letzten Jahrhundert dazu, Lebensvorgänge in Organismen auf der Ebene der DNA, der Chromosomen, der Gene bis hin zu den einzelnen Basen des genetischen Codes zu untersuchen, also dort, wo die Eigenschaften im Erbgut, dem Genotyp, kodiert sind. Daraus resultierte seit Ende der 1970er/Anfang der 1980er Jahre eine neue Herangehensweise in der Forschung, nicht nur bei Pflanzen, sondern auch in der Medizin oder der Mikrobiologie.

Demgegenüber hinkte die Entwicklung neuer Methoden und Techniken zur Untersuchung physiologischer Prozesse und auch die biochemische Analytik hinterher.

Die Bestimmung pflanzlicher Inhaltsstoffe war langwierig und aufwändig. Die Anzahl von Stoffen, die in einem Analyse-durchgang bestimmt werden konnte, war sehr begrenzt. Welche Stoffe in der Pflanze in welcher Menge wohin transportiert werden, war nur zu entschlüsseln, wenn die Pflanze in kleine Stückchen zerlegt und aus ihren Organen, Geweben und Zellen Extrakte hergestellt wurden, deren stoffliche Zusammensetzung dann untersucht wurde. Untersuchungen an der lebenden Pflanze, also nichtinvasive oder minimal invasive Methoden, gab es so gut wie gar nicht.

Auf dieser Ausgangslage basierte die Gründung des Max-Planck-Instituts für Molekulare Pflanzenphysiologie (MPI-MP) und seine Mission im Jahre 1994.



Genetisch unterschiedliche Pflanzen

Genetisch unterschiedliche Pflanzen wurden im Institut in den ersten Jahren vor allem dazu genutzt, um Genfunktionen aufzudecken. Allerdings hat man dabei nicht Äpfel mit Birnen verglichen, die unterscheiden sich nämlich in viel zu vielen Faktoren. Stattdessen werden Pflanzen eingesetzt, die sich nur in einem Merkmal oder wenigen Eigenschaften unterscheiden.



So wird einerseits die klassische Mutagenese genutzt, bei der das Erbgut von Pflanzen durch Strahlung oder Chemikalien in Teilen zufällig verändert wird. Die dadurch ausgelösten Merkmalsänderungen werden erfasst, um dann zu untersuchen, auf welcher Änderung im Erbgut sie beruhen. So kann vom Merkmal auf das dazugehörige Gen geschlossen werden. Dieses Vorgehen wird als **Vorwärts-genetik** bezeichnet.

Eine andere Möglichkeit die Funktion von Genen aufzudecken besteht darin, entweder ein neues Gen einzuführen, um dann zu schauen, ob und wenn ja, welche neue Eigenschaft die Pflanze nun besitzt, oder aber Gene in der Pflanze stillzulegen, um dann zu ermitteln, in welchem Merkmal sich diese Pflanzen von den Ursprungspflanzen unterscheiden. Dieses Vorgehen wird als **Rückwärts-genetik** bezeichnet, hier wird vom Gen auf das Merkmal geschlossen.

Eine weitere Möglichkeit, mehr über Pflanzen zu lernen, bietet die Nutzung der **natürlichen genetischen Diversität** von Pflanzen. Aber auch in diesem Fall werden nicht Äpfel mit Birnen verglichen.

Im Zentrum der Untersuchungen können beispielsweise Pflanzen stehen, die unter verschiedenen klimatischen Bedingungen vorkommen, aber zur selben Pflanzenart gehören.

So ist *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand), die wichtigste Modellpflanze der Pflanzenforscher, von Nordafrika bis zum Polarkreis verbreitet und muss entsprechend des jeweiligen Standorts mit den vorhandenen Bedingungen klarkommen. Das führt dazu, dass sie in verschiedenen genetischen Varianten auftritt. Interessant ist dann zu untersuchen, warum die skandinavische Variante beispielsweise Kälte besser verträgt, als ihre südeuropäischen Verwandten oder warum in Abhängigkeit vom Standort die einen keine Probleme mit größerer Feuchtigkeit haben, während andere wiederum mit Trockenheit besser zurechtkommen.

Eine weitere Möglichkeit, gezielt genetisch unterschiedliche Pflanzen zu untersuchen, besteht darin, Kulturpflanzen mit wilden Verwandten zu kreuzen und durch mehrere Rückkreuzungen das Erbgut der Wildpflanzen zurückzudrängen, so dass die Kulturpflanzen dann nur noch einen geringen Anteil des Erbguts der Wildpflanzen besitzen. So können im Übrigen auch interessante Eigenschaften der Wildpflanzen in Kulturpflanzen eingekreuzt werden.

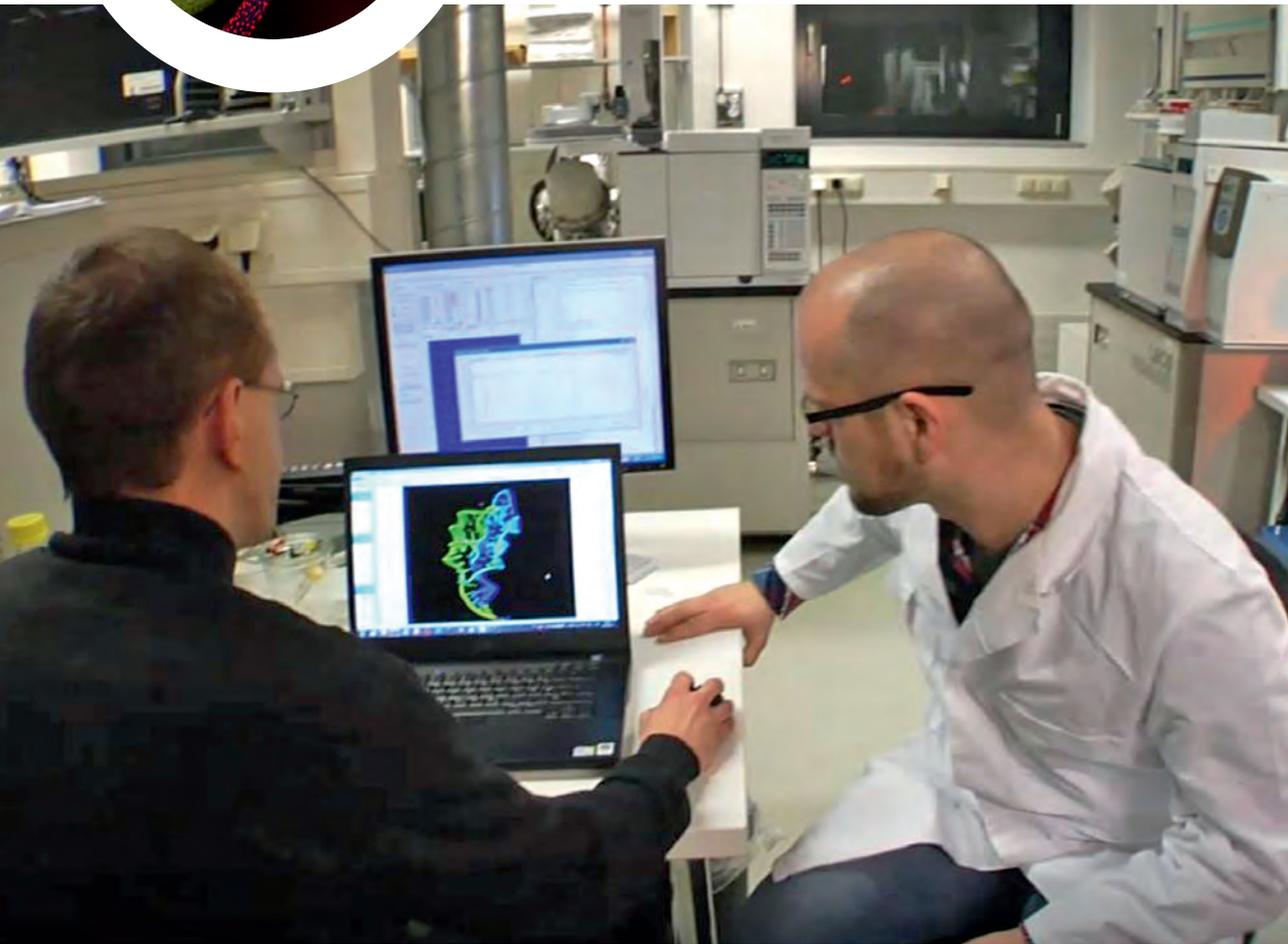
Neben den verschiedenen Typen von *Arabidopsis thaliana* gibt es am Institut auch Untersuchungen auf der Grundlage der natürlichen Diversität bei Mais, Reis, Tomaten, Kartoffeln, Nachtkerzen und Maniok.



(Molekulare) Phänotypisierung

Damit die äußerlich sichtbaren, aber auch die inneren, molekularen und äußerlich nicht sichtbaren Merkmale, wie beispielsweise die Inhaltsstoffzusammensetzung erfasst werden können, sind besondere Analysetechniken notwendig.

Das Institut hat - ganz im Sinne der Gründungs-Mission - eine führende Rolle bei der Entwicklung solcher Untersuchungsmethoden auf molekularer Ebene übernommen. Es hat z.B. Pionierarbeit darin geleistet eine Methode zu entwickeln, die es ermöglicht mehrere 100 Inhaltsstoffe parallel und in einem Durchgang zu analysieren. Solche Inhaltsstoffe (Metabolite), die über verschiedene Stoffwechselwege gebildet werden, gehören zu verschiedenen Substanzklassen und erfüllen in der Pflanze ganz unterschiedliche Aufgaben. Der Bereich, der sich mit der Bestimmung der Metabolite (Stoffwechselprodukte/Inhaltsstoffe) beschäftigt, wird als Metabolomik bezeichnet. Das Institut ist weltweit führend in der umfassenden parallelen Bestimmung von Inhaltsstoffen. Um die Stoffe zu detektieren, wird eine Kombination von Chromatographie und Massenspektrometrie eingesetzt.



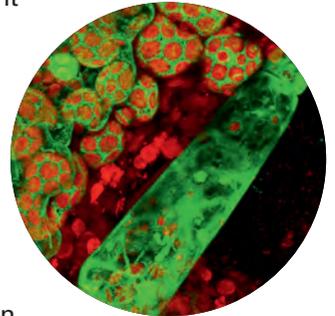
Forschungsprofil

Das Forschungsprofil des Instituts lässt sich am besten durch folgende Schlüsselbegriffe umschreiben:

Stoffwechsel untersuchen – Genfunktionen aufdecken – System-orientiert denken – Wachstum verstehen

Der Schwerpunkt der Forschung lag in den ersten Jahren vor allem auf den beiden erst genannten Begriffen: **Stoffwechsel untersuchen – Genfunktionen aufdecken**. So wurden in dieser ersten Phase vor allem die zentralen Stoffwechselwege (Zucker, Stärke, Aminosäuren, Fette, Schwefel), aber auch Abläufe im Sekundärstoffwechsel, Reaktionen auf Umweltstress wie Temperatur oder Sauerstoffmangel und bioenergetische Prozesse, wie Photosynthese und Atmung untersucht. Erforscht wurde auch wie Pflanzen auf Veränderungen im Zucker-, Stickstoff- oder Phosphathaushalt reagieren und in diesem Zusammenhang, wie effektiv Pflanzen mit Stickstoff oder Phosphat umgehen. Wie beschrieben, kamen vor allem genetisch unterschiedliche Pflanzen zum Einsatz, um die zugrundeliegenden Genfunktionen aufzudecken.

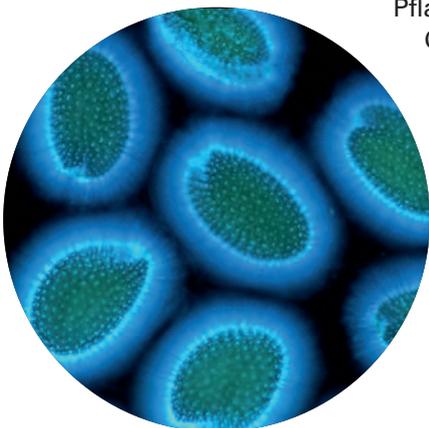
Mit der Etablierung der dritten Abteilung im Jahr 2004 ging es nicht mehr nur um Eigenschaften, die durch das Erbgut im Zellkern vermittelt werden, sondern auch um die Untersuchung des Erbguts, dass in den sogenannten Chloroplasten der Zelle vorhanden ist. Wie interagieren die Gene in den Chloroplasten mit denen im Zellkern, wie wirken sich diese Wechselbeziehungen auf die Eigenschaften von Pflanzen aus?



Im Rahmen der Entwicklungen neuer und ausgeklügelter Techniken nahm der Gedanke immer mehr Gestalt an, nicht nur einzelne Stoffwechselschritte oder einzelne Reaktionen auf Umweltreize in den Fokus zu nehmen, sondern **System-orientiert** zu denken.

Ermöglicht wurde dies u.a. durch Methoden, die eine Erfassung der Gesamtheit ähnlicher Einzelelemente zulassen. Neben der am Institut entwickelten Methoden der Metabolomik – also der möglichst vollständigen Erfassung der Inhaltsstoffe zu einem Zeitpunkt – kommen am Institut auch weitere „Omik-Technologien“ zum Einsatz. So geht es bei der Genomik um die Gesamtheit der Gene, bei der Proteomik um den Eiweißbestand und bei der Transkriptomik um die Abschriften der Gene in Form von RNA.

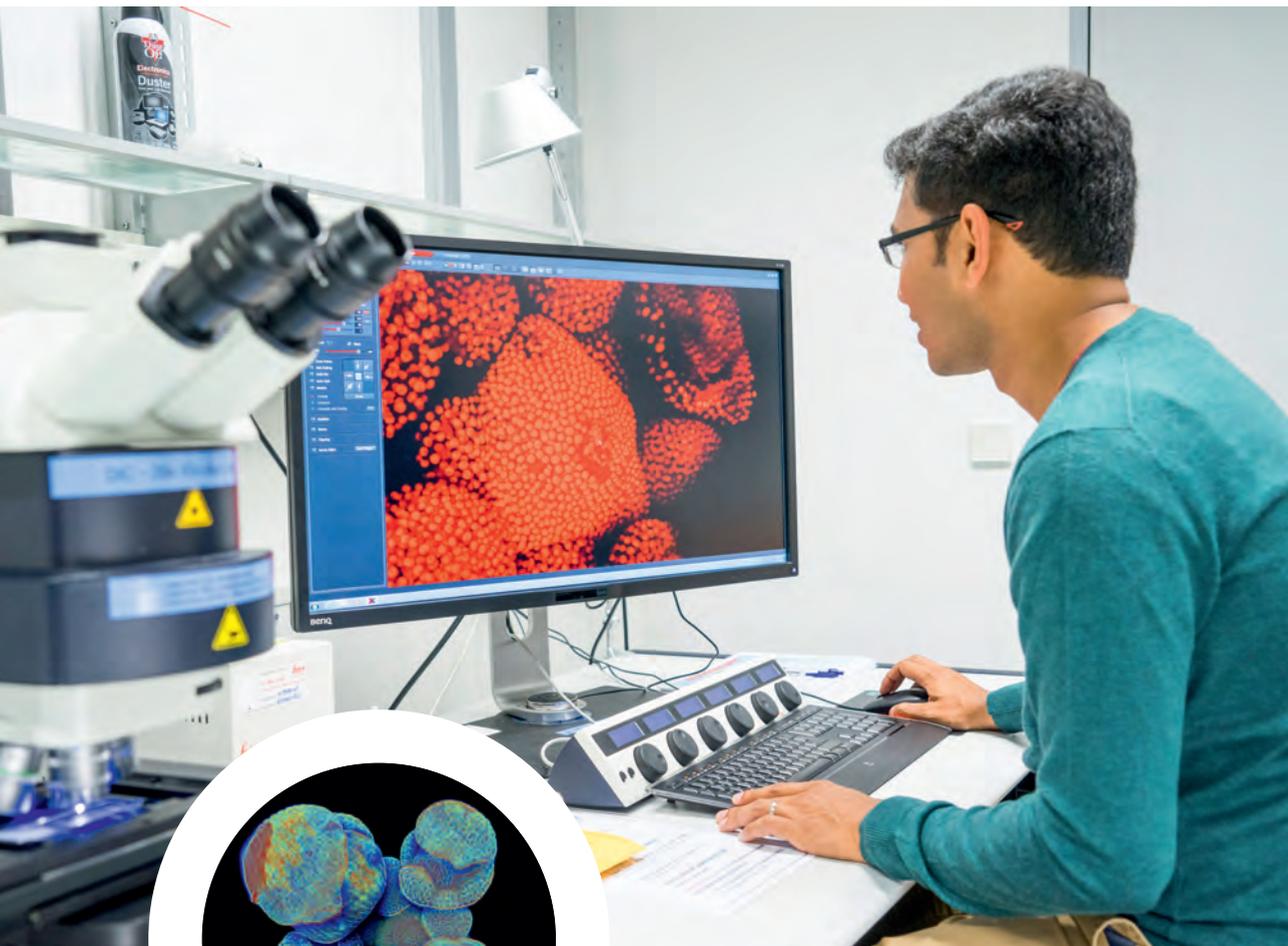
Weitere Methoden wie der Einsatz selbst entwickelter 3D-Kameras, die das Wachstum aufzeichnen oder hochentwickelte Mikroskopie-Techniken unter Anwendung ausgeklügelter Färbemethoden, Softwareprogramme, die Daten über Genaktivitäten und die von ihnen beeinflussten Stoffklassen zusammenführen und auswerten, ermöglichen es jetzt, die Eigenschaften von Pflanzen sehr viel genauer zu erfassen, so dass zukünftig Gesamtzusammenhänge besser verstanden werden können.



Vor diesem wissenschaftlichen Hintergrund liegt das übergeordnete Ziel des Instituts nun darin zu verstehen, wie **Wachstum** und Stoffwechsel reguliert werden, wie Umweltfaktoren darauf einwirken und welche Reaktionen sie auslösen, sowie welche genetischen Faktoren diesen Prozessen und Reaktionen zugrunde liegen.

Auf dem Weg dorthin, reicht es nicht aus, die Funktionen einzelner Gene zu identifizieren. Gene stehen nämlich untereinander in komplexen Wechselbeziehungen, die wiederum abhängig sind von anderen Faktoren, wie der Umwelt oder dem Entwicklungsstadium. Solche Wechselbeziehungen können sich selbst bei eng verwandten Pflanzen unterscheiden. Darüber hinaus ist es auch wichtig, die molekularen Details von Prozessen auf allen funktionellen Ebenen zu verstehen. Das betrifft einerseits die Regulierung von Genen, das Ablesen von Genen und ihre Übersetzung in Proteine, und andererseits auch die Aufnahme von Nährstoffen, die Struktur, die Lagerung, den Transport und die Mobilisierung von Verbindungen, sowie die Steuerung der einzelnen Prozesse. Dafür ist es unerlässlich zu lernen, wie diese verschiedenen Prozesse in Netzwerken zusammenwirken. Hieraus können Ansätze entwickelt werden, die es zukünftig zulassen, quantitative Informationen z.B. zum Ertrag und Vorhersagen über pflanzliches Verhalten zu treffen.

Dazu ist es nicht nur wichtig, Pflanzen auf unterschiedlichen Ebenen (Gene, RNA, Proteine, Inhaltsstoffe) zu untersuchen, sondern notwendig sind auch Methoden, die es zulassen, „auf einen Schlag“ sehr viele Daten zu erheben. Nur so wird man verstehen können, wie komplexe Netzwerke funktionieren. Bioinformatik und Modellierung liefern geeignete Werkzeuge, um die Datenfülle, die durch solche sogenannten Hochdurchsatzverfahren produziert wird, auszuwerten und in größere Zusammenhänge zu bringen.



Forschungsbeispiele

Ertragreiche Maissorten vorhersagen

Bei vielen unserer landwirtschaftlich genutzten Pflanzen wie z.B. beim Mais handelt es sich um Hybridsorten. Um Hybride zu erzeugen, werden zwei unterschiedliche Elternlinien miteinander gekreuzt. Die Nachkommen aus dieser Kreuzung können leistungsstärker als ihre Eltern sein. Die Schwierigkeit des Züchters besteht darin, diejenigen Eltern zu finden, deren Kombination den größten Züchtungserfolg bewirkt. Bisher muss in zeit- und kostenintensiven Kreuzungsexperimenten getestet werden, welche Kreuzungspartner die besten Eltern darstellen.

In einem Projekt mit mehreren Kooperationspartnern wurde das Ziel verfolgt diesen Prozess zu beschleunigen. Dazu wurden Maispflanzen angebaut, Blattproben entnommen und genetische Fingerabdrücke erstellt. Am MPI-MP wurden die Blattproben auf solche Inhaltsstoffe untersucht, die am Wachstum der Pflanzen beteiligt sind. Dank mathematischer Modellierungen konnte ein auf den Erbgut- und Inhaltsstoffanalysen der Eltern basierendes Computermodell zur Vorhersage der Leistungsfähigkeit der Nachkommen erstellt werden. Um diese Vorhersagen zu überprüfen, wurden die Nachkommen auf dem Acker angebaut, agronomisch bewertet und geerntet. Bei 75 Prozent der Nachkommen stimmten die Vorhersagen zu, die aufgrund der Testung der Eltern gemacht wurden.

In weiterführenden Forschungen wurden im Gewächshaus in Golm Maissamen ausgesät und die Keimwurzeln statt der Blätter, auf die am Wachstum beteiligten Inhaltsstoffe untersucht. Aus diesen ermittelten Daten wurde wiederum ein Computermodell erstellt, um noch frühzeitiger Auskunft über die Leistungsfähigkeit der Nachkommen zu erhalten, um so Zeit, Platz und Kosten im Züchtungsprozess einzusparen. Die Untersuchungen zeigten in der Tat das große Potenzial junger Maiswurzeln als adäquates System für die Vorhersage des Stoffwechsels im Feld.



Wie Maispflanzen dabei helfen könnten den Reisertrag zu steigern

Reis ist das Hauptnahrungsmittel für mehr als die Hälfte der Weltbevölkerung und ist somit eine der wichtigsten Nutzpflanzen der Erde. Reis nutzt den sogenannten C_3 -Weg der Photosynthese. Bei gemäßigten Temperatur- und Lichtverhältnissen ist dies die effektivste Art der CO_2 -Fixierung. In heißer und trockener Umgebung – ein Szenario, das im Zuge des Klimawandels viele Regionen zunehmend betreffen wird – ist sie jedoch leider nicht effektiv genug. Andere Pflanzen, wie Mais und Hirse zum Beispiel, nutzen den C_4 -Weg. Dieser arbeitet deutlich besser unter solchen nachteiligen Bedingungen. Ein Team von Wissenschaftlern aus 12 Einrichtungen in 8 Ländern glaubt, dass ein Wechsel in Reis von C_3 zu C_4 eine Ertragssteigerung um bis zu 50% bewirken könnte.

Dass ein solcher Wechsel möglich sein könnte, dafür spricht, dass sich im Laufe der Evolution mehrmals an verschiedenen Orten und unabhängig voneinander der C_4 -Photosyntheseweg von Pflanzen als Anpassung an die Gegebenheiten entwickelt hat. Die Arbeitsgruppe, die sich am MPI-MP mit dieser Forschung befasst, untersucht Pflanzen, die schon mehrere Enzyme des C_4 -Weges besitzen. Die Inhaltsstoffe dieser Pflanzen werden mit denen herkömmlicher Reispflanzen verglichen. Dies soll Aufschluss darüber geben, ob die Integration der C_4 -Photosynthese funktioniert hat. Die Pflanzen mit der geänderten Enzymzusammensetzung nutzen andere Inhaltsstoffe im Photosyntheseprozess, die dann in einer veränderten Konzentration vorkommen sollten. Außerdem wird untersucht, wie viel CO_2 die Pflanzen aufnehmen und wofür dieses verwendet wird.

Das C_4 -Reisprojekt wurde auf der Grundlage von Diskussionen am Internationalen Reiserforschungsinstitut (IRRI, Philippinen) im Jahre 2008 initiiert und wird durch die Bill & Melinda Gates Stiftung finanziert.

Gentransfer über Artengrenzen hinweg durch Pfropfung

Im Obst- und Weinanbau spielt die Pfropfung von Pflanzen eine entscheidende Rolle, um hohe Erträge, eine verbesserte Schädlingsresistenz oder eine stabilere Wuchsform zu gewährleisten. Diese traditionelle Methode hat überraschende Auswirkungen auf den Genbestand der gepfropften Pflanzen. Wissenschaftler des MPI-MP konnten bereits im Jahr 2009 nachweisen, dass zwischen den Zellen gepfropfter Pflanzen funktionsfähige Gene ausgetauscht werden können. Bis dato wurde davon ausgegangen, dass die Pflanzen zwar verwachsen, ihren Genbestand aber separat erhalten. Diese Annahme muss nun als widerlegt gelten, da die Erbinformation der Chloroplasten zwischen den Zellen an der Pfropfungsstelle ausgetauscht werden können. Chloroplasten sind die Zellbestandteile, in denen die Photosynthese abläuft. 2014 gelang dann sogar der Nachweis, dass auch Kerngene über Pfropfung übertragen werden und auf diese Weise neue Pflanzenarten entstehen können.



Pflanzen – Grüne Fabriken der Zukunft

Pflanzen produzieren unzählige Inhaltsstoffe mit ganz unterschiedlichen Aufgaben. Viele dieser Stoffe sind nicht nur für die Pflanze hilfreich, sondern haben gleichfalls eine positive Wirkung auf Menschen und Tiere. Die Gewinnung dieser Stoffe aus ihren natürlichen Produzenten in ausreichender Menge ist häufig schwierig. Wie wäre es, wenn man dazu überginge, die Stoffe direkt in Pflanzen herzustellen, wo sie ihren Ursprung haben? Mit dieser Frage beschäftigen sich Forscher*innen am MPI-MP. Erste Ergebnisse belegen, dass die Chloroplasten für die gezielte Produktion von Medikamenten, Vitaminen und anderen gesundheitsförderlichen Verbindungen besonders gut geeignet sind.

So ist es Wissenschaftler*innen des Instituts bereits gelungen, die für die Bildung des Farbstoffs Astaxanthin benötigten Gene in die Chloroplasten von Tabakpflanzen einzubringen. Astaxanthin gehört zur Gruppe der Carotinoide. Der Farbstoff wird auf Lachs- oder Forellenfarmen dem Futter zugesetzt, damit die dort gezüchteten Fische ihre rötliche Farbe erhalten. In Freiheit erhalten sie ihre Lachsfarbe durch die Aufnahme von Astaxanthin aus Plankton und Mikroalgen. Augenblicklich wird der Farbstoff durch eine industrielle chemische Synthese hergestellt, die teuer und umweltbelastend ist.

Autoimmunleiden bei Pflanzen

Wenn Pflanzen miteinander gekreuzt werden, zeigt der Nachwuchs manchmal Eigenschaften, die bei ihren Eltern nicht aufgetreten sind. Das kann sich als positiv erweisen, wenn die Kinder den Eltern beispielsweise in Größe und Ertrag überlegen sind oder als negativ, wenn die jungen Pflanzen im Vergleich zu ihren Vorfahren klein und kümmerlich bleiben oder welke Blätter haben, deren Gewebe sogar absterben kann. Im ersteren Fall spricht man von Heterosis, auf die die guten Leistungen unserer Hybridsorten zurückzuführen sind, im letzteren Fall spricht man von Hybrid-Unverträglichkeit. Eine weit verbreitete Art dieser Hybrid-Unverträglichkeit äußert sich in Hybrid-Nekrosen. Diese Nekrosen ähneln den Reaktionen, die Pflanzen trickreich anwenden, wenn sie von Krankheiten oder Schädlingen befallen werden: das befallene Gewebe welkt und stirbt ab, um den Krankheitserregern den Nährboden zu entziehen. Ursächlich für diese Reaktion sind einzelne Gene, die den Elternpflanzen zwar eine größere Widerstandskraft verleihen, treffen jedoch diese Gene bei einer „unglücklichen“ Kombination von Mutter und Vater aufeinander, kommt es zu Autoimmunreaktionen bei den Kindern, in deren Folge das Gewebe absterben kann.

Eine unserer Max-Planck-Gruppen untersucht an der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*, welcher molekulare Mechanismus solchen Autoimmunreaktionen zu Grunde liegt.

Internationale Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter

Das Institut ist in die Abteilungen des Gründungsdirektors Prof. Dr. Lothar Willmitzer (Molekulare Physiologie höherer Pflanzen), die Abteilung von Prof. Dr. Mark Stitt (Metabolische Netzwerke seit 2000) sowie die Abteilung von Prof. Dr. Ralph Bock (Organellenbiologie, Biotechnologie und molekulare Ökophysiologie seit 2004) gegliedert. Innerhalb der Abteilungen leiten junge Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, die nach dem jeweiligen Forschungsgebiet benannten Arbeitsgruppen. Zur Politik des Instituts gehört es seit jeher, unabhängig von den drei Abteilungen weitere Forschungsgruppen aufzunehmen, die die Ressourcen des Instituts nutzen können und das wissenschaftliche Themenspektrum erweitern. So beheimatet das MPI-MP regelmäßig bis zu drei Max-Planck-Forschungsgruppen, die von hervorragenden Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftlern geleitet werden.

Dazu kommen sogenannte Infrastrukturgruppen, die ihr spezialisiertes Fachwissen und die dafür notwendige apparative Ausstattung den anderen Institutsmitgliedern zur Verfügung stellen und gleichzeitig ihre Forschungsprogramme unabhängig von den Abteilungen verfolgen. Des Weiteren beherbergt das Institut regelmäßig Gastgruppen der Universität Potsdam und internationaler Universitäten, wie aktuell eine Gruppe der Ben-Gurion-Universität in Israel.





Postdoktoranden aus dem In- und Ausland bewerben sich auf Stellen in den Arbeitsgruppen. Sie forschen am MPI-MP meist für einen befristeten Zeitraum. Während dieser Zeit vertiefen sie ihre wissenschaftlichen Erfahrungen und wechseln dann an Stellen an Universitäten, Instituten oder in die Industrie.

Doktoranden sind ein fester Bestandteil der Forschungsgemeinschaft am Institut. Sie werden von den Direktoren und den Leiterinnen und Leitern der verschiedenen Forschungsgruppen betreut. Im Rahmen der Doktorandenausbildung arbeitet das Institut eng mit dem Institut für Biochemie und Biologie der Universität Potsdam zusammen. Besonderheiten am Institut sind die Internationale Max Planck Research School zum Thema „Primärer Stoffwechsel und Pflanzenwachstum“ und ein gemeinsames Doktorandenprogramm mit der Universität Melbourne, Australien.

Komplettiert wird das Institut durch Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter, die nicht direkt in der Forschung arbeiten, aber für den Betrieb einer wissenschaftlichen Forschungsreinrichtung genauso wichtig sind, wie die Wissenschaftler selber. Zu nennen sind hier die Technischen Assistent*innen, die Gärtner*innen, die Haus-technik, die Informationstechnik, die Webentwickler, die Betreuung des Doktorandenprogramms, die Bibliotheksbetreuung, die Forschungscoordination, die Presse- und Öffentlichkeitsarbeit, die Sekretärinnen, die Servicekräfte, die dafür sorgen, dass den Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern die notwendigen Materialien zugestellt werden und die Laborutensilien einsatzbereit vorliegen, und nicht zuletzt die Verwaltung.

Augenblicklich hat das Institut ca. 400 Beschäftigte. Es handelt sich um ein sehr internationales Team, dessen Mitglieder aus mehr als 30 verschiedenen Ländern kommen. Junge Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus Argentinien, Brasilien, Chile, China, Frankreich, Indien, Iran, Israel, Italien, Polen oder der Türkei – um nur einige am Institut vertretene Länder zu nennen – arbeiten Seite an Seite und erforschen gemeinsam die Geheimnisse der Pflanzen. Diese internationale Atmosphäre macht das Institut zu einem ganz besonderen Ort, wie Besucher oder neue Mitarbeiter*innen oder Praktikant*innen immer wieder feststellen. Darüber hinaus bietet das MPI-MP seinen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern durch seine hervorragende Ausstattung und eine Organisationsstruktur, die seinen jungen Forschenden viel Forschungsfreiraum erlaubt, exzellente Bedingungen für ein produktives Arbeiten.

Nachwuchswissenschaftler*innen, die das Institut verlassen, stehen national und international sehr hoch im Kurs. Sehr viele sind an Forschungseinrichtungen, Universitäten und Industrieunternehmen im In- und Ausland berufen worden, darunter sehr viele Frauen.



Innovationen aus der Grundlagenforschung

„Der Anwendung muss das Erkennen voraus gehen“

Max Planck (1858 – 1947)

Das MPI-MP legt nicht nur großen Wert auf den akademischen Erfolg seiner Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter, sondern ist auch daran interessiert das – wo möglich – Grundlagenforschung in Anwendung übergehen kann, frei nach dem Motto: **„Grundlagenorientiert – Anwendungs offen“**.

Dieser Weg zeigt sich einerseits daran, dass viele der Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler nach ihrer Zeit am Institut eine Karriere in leitender Position in einem Unternehmen einschlagen. Andererseits sind in der Vergangenheit insgesamt fünf Firmen ausgegründet worden; die ersten beiden bereits kurz nach der Institutsgründung in den 90er Jahren - **PlantTec** und **Metanomics** - die eine in Potsdam, die andere in Berlin.

In den Jahren 2012 und 2013 folgten die Firmen **metaSysX** und **targenomix**, die Räumlichkeiten im Golmer Innovationszentrum (GO:IN) bezogen. **Prof. Lothar Willmitzer** ist für seine Pionierleistungen im Bereich der pflanzlichen Stoffwechselforschung (Metabolomik) und seine Ausgründungsaktivitäten im Jahre 2015 vom Stifterverband und der Max-Planck-Gesellschaft mit dem Stifterverbandspreis ausgezeichnet worden.

Im Jahr 2009 gründeten zwei ehemalige Mitarbeiter des Instituts die Firma **Metabolomic Discoveries GmbH**, die in das Golmer Innovationszentrum (GO:IN) einzog. Ihre beiden Gründer, Dr. Nicolas Schauer und Dr. Sandra Trenkamp, wurden 2011 auf den Deutschen Gründer- und Unternehmenstagen in der Kategorie „Geschäftsideen und Innovation“ zum Bundessieger gekürt.

Aber Innovationen können sich nicht nur in Form von Firmenausgründungen zeigen, sondern auch darin, neue Geräte zu entwickeln. So wurde beispielsweise in der Abteilung von **Prof. Mark Stitt** „**Frosty**“ entwickelt, ein Roboter, der es ermöglicht kleine Proben pflanzlichen Materials bei -80 Grad zu homogenisieren und zu portionieren. Des Weiteren wurde eine **Infrarot-Kamera**, die 3D-Aufnahmen macht so für die Forschungsbelange angepasst, dass sie zur Untersuchung von Pflanzenwachstum und -bewegung in Pflanzenwuchskammern genutzt werden kann.

Neben der **Metabolomik**, sind als weitere besondere Leistungen die Entwicklung der **MapMan Software**, die es ermöglicht umfassende Datensätze in ihrem biologischen Zusammenhang darzustellen und die Golm **Metabolome Database** hervorzuheben.

Herauszustellen ist darüber hinaus die führende Position von **Prof. Ralph Bock** und seinem Team bei Techniken zur gentechnischen Veränderung (**Transformation**) des Erbguts in den Chloroplasten. Ein anderer Teil seiner Forschung in diesem Bereich zielt darauf ab, Chloroplasten als Produktionsstätte für Pharmazeutika und andere neue Inhaltsstoffe zu nutzen. Für diesen Bereich hat Herr Professor Bock vom Europäischen Forschungsrat (ERC Grant) 2,5 Mio. Euro erhalten. Weitere Gelder kommen aus anderen europäischen Forschungsprogrammen, wie NEWCOTIANA und DISCO, die in Höhe von insgesamt knapp 14 Mio. Euro an das MPI-MP und seine europäischen Kooperationspartner gehen.

Öffentlichkeitsarbeit

Das MPI-MP ist keine Wissenschaftseinrichtung, die ihre Forschung im „Elfenbeinturm“ betreibt. Aktiv und engagiert informiert das Institut die Öffentlichkeit.

Auswahl an Aktivitäten:

- Tage der Offenen Türen auf dem Campus (seit 1999)
- Beteiligung am Potsdamer Tag der Wissenschaften
- Aktives Mitglied im Verein ProWissen
- Veranstaltung von Thementagen und Durchführung von Schülerprojekten
- „pimp your brain“, Filmreihe auf YouTube: Wissenschaftler*innen erklären ihre Forschung und Besonderheiten von Pflanzen
- Aktuelle Forschungsinformationen über die Institutswebseiten in Deutsch und Englisch und über Facebook und Twitter
- „Komm ins Beet“ Führungen über die Freilandflächen des Instituts und Webseiten zur Vertiefung der Themen
- „Frag die Erbse“ Broschürenreihe. Bisher erschienen sind Hefte zu den Themen Molekularbiologie, Ökologie, Landwirtschaft, Pflanzenzüchtung.

Die Veranstaltungsreihe „Komm ins Beet“ wird bereits seit 15 Jahren angeboten und ist besonders erfolgreich. Entstanden ist sie in der Zeit als das Institut noch Freisetzungsversuche mit gentechnisch veränderten Kartoffeln durchführte. So waren Besucher*innen dazu eingeladen mehr über die Versuche zu erfahren und mit den Wissenschaftler*innen am Feldrand zu diskutieren. Leider kam es trotz dieser Offenheit auch beim MPI-MP zu Feldzerstörungen. Auch die Idee zur Broschürenreihe „Frag die Erbse“ ist in dieser Zeit entstanden. Gemeinsam mit anderen Forschungseinrichtungen wurden die ersten Hefte aufgelegt. Mehrere Auflagen der Hefte sind seither erschienen und eine Fortsetzung der Reihe ist geplant. Mittlerweile sind Freisetzungsversuche am Institut Geschichte, wie im Übrigen fast in ganz Europa.

In den vielen Jahren, die die **Diskussion um die Grüne Gentechnik** andauert, war zu beobachten, dass die wissenschaftlichen Grundlagen immer mehr in den Hintergrund traten, zugunsten einer mehr und mehr politischen Diskussion und einer gesellschaftlich-politischen Willensbildung. Es wäre aus unserer Sicht begrüßenswert, wenn im Hinblick auf die neuen Methoden des Genom-Editierens die wissenschaftlichen Grundlagen wieder mehr Berücksichtigung fänden. Die Wissenschaftler des Instituts haben sich über die Jahre beständig in diesem gesellschaftlichen Diskurs engagiert und sind dazu auch in Zukunft bereit.



Hitliste der Veröffentlichungen

Bei der Vielzahl an wissenschaftlichen Artikeln, die in 25 Jahren veröffentlicht wurden, fällt die Entscheidung schwer, welche die interessantesten, innovativsten, erfolgreichsten oder einfach nur die spannendsten gewesen sind. Gefragt nach ihrer Sicht der Dinge, gaben die Direktoren jeweils für ihre Abteilung die **TOP 5** unter ihren Publikationen an.

Gründungsdirektor Prof. Dr. Dr. h.c. Lothar Willmitzer

Abteilung: Molekulare Physiologie höherer Pflanzen



Die Liste der TOP 5 aus seiner Abteilung zeigt, wie der Einsatz und die Nutzung des Metabolitenprofilings konsequent weiterentwickelt wurde. Die Entwicklung reicht vom erstmaligen Einsatz im Jahr 2000, der die bis dahin genutzten Ansätze zur Funktionsbestimmung von Genen deutlich verbesserte über die Möglichkeit Rückschlüsse auf diejenigen Abschnitte im Erbgut zu erhalten, die mit dem Geschmack, gesundheitlich relevanten Inhaltsstoffen oder sogar mit dem Ertrag in Verbindung stehen (2006) bis hin zur Frage, wie durch mathematische Modelle frühzeitig Vorhersagen zu den Ertragsleistungen der Nachkommen getroffen werden können (2012, 2018). Die aktuellste Entwicklung geht dahin mit Hilfe eines rechnergestützten Ansatzes ganze Stoffwechselmodelle zu simulieren. Solche Modelle könnten dazu genutzt werden Vorhersagen darüber zu treffen, wie sich wechselnde Wachstumsbedingungen auf bestimmte Eigenschaften auswirken können (2019).

1. Fiehn, O., Kopka, J., Doermann, P., Altmann, T., Trethewey, R. N., Willmitzer, L. (2000). Metabolite profiling for plant functional genomics. *Nature Biotechnology*, 18(11), 1157-1161.
2. Schauer, N., Semel, Y., Roessner, U., Gur, A., Balbo, I., Carrari, F., Pleban, T., Perez-Melis, P., Bruedigam, C., Kopka, J., Willmitzer, L., Zamir, D., Fernie, A. (2006). Comprehensive metabolic profiling and phenotyping of interspecific introgression lines for tomato improvement. *Nature Biotechnology*, 24, 447-454.
3. Riedelsheimer, C., Czedik-Eysenberg, A., Grieder, C., Lisec, J., Technow, F., Sulpice, R., Altmann, T., Stitt, M., Willmitzer, L., Melchinger, A. E. (2012). Genomic and metabolic prediction of complex heterotic traits in hybrid maize. *Nature Genetics*, 44(2), 217-220.
4. de Abreu e Lima, F., Willmitzer, L., & Nikoloski, Z. (2018). Classification-driven framework to predict maize hybrid field performance from metabolic profiles of young parental roots. *PLoS ONE*, 13(4).
5. Küken, A., Eloundou-Mbebi, J. M. O., Basler, G., Nikoloski, Z. (2019). Cellular determinants of concentration ranges. *PLoS Computational Biology*, 24.

Prof. Dr. Dr. h.c. Mark Stitt

Abteilung: Metabolische Netzwerke

Pflanzen besitzen vielfältige Stoffwechselwege und verschiedene Mechanismen zu deren Regulation. Um diese komplexen Vorgänge und damit das pflanzliche Wachstum besser zu verstehen, müssen tausende von Transkripten, Proteinen und Inhaltsstoffen unter verschiedenen Bedingungen untersucht werden. Es entstehen große Datensätze, die strukturiert und mit dem bereits vorhandenen Wissen verknüpft werden müssen. Mit Hilfe des MapMan-Programms konnten erstmalig für die Modellpflanze *Arabidopsis* Gruppen von Genen mit bereits bekannten oder vermuteten Funktionen zusammengestellt werden. Verbunden mit Techniken, die es ermöglichen die aktiven Gene zu identifizieren, können Flussdiagramme erstellt werden, die visualisieren, welche Prozesse gerade stimuliert oder gehemmt werden. Das Softwareprogramm wurde anderen Wissenschaftler*innen über eine Webseite kostenlos zur Verfügung gestellt („open source“). Mittlerweile kann es bei einer Vielzahl von Pflanzen, u.a. Nutzpflanzen, eingesetzt werden und wird häufig genutzt.



In den anderen aufgeführten Veröffentlichungen geht es darum, dass Pflanzen, ähnlich dem Menschen, einen Biorhythmus haben, der den nächtlichen Stärkeabbau reguliert, wie ein kleines Molekül – Trehalose-6-phosphat – in den Kohlenhydratstoffwechsel und in die Regulierung des Wachstums und des Blühzeitpunkts von Pflanzen involviert ist und wie die Kommunikation zwischen verschiedenen weit auseinanderliegenden Pflanzenteilen funktioniert.

1. Thimm, O., Bläsing, O., Gibon, Y., Nagel, A., Meyer, S., Krüger, P., Selbig, J., Müller, L. A., Rhee, S.Y. and Stitt, M. (2004). MapMan: a user-driven tool to display genomics data sets onto diagrams of metabolic pathways and other biological processes. *Plant J.*, 37, 914-939.
2. Graf, A., Schlereth, A., Stitt, M. and Smith, A. M. (2010). Starch degradation in Arabidopsis leaves is controlled by the circadian clock. *PNAS*, 107, 9458-63.
3. Lunn, J. E., Delorge, I., Figueroa, C. M., van Dijk, P., Stitt, M. (2014). Trehalose metabolism in plants. *Plant J.*, 79, 544-567.
4. Wahl, V., Ponnu, J., Schlereth, A., Arrivault, S., Langenecker, T., Franke, A., Feil, R., Lunn, J., Stitt, M. and Schmid, M. (2013). Regulation of flowering by trehalose-6-phosphate signaling in Arabidopsis thaliana. *Science*, 339, 704-707.
5. Thieme, C. J., Rojas-Triana, M., Stecyk, E., Schudoma, C., Zhang, W., Yang, L., Miñambres, M., Walther, D., Schulze, W. X., Paz-Ares, J., Scheible, W.-R., and Kragler, F. (2015). Endogenous Arabidopsis messenger RNAs transported to distant tissues. *Nature Plants*, 1: 15025.

Prof. Dr. Ralph Bock,
Abteilung: Organellenbiologie, Biotechnologie und molekulare Ökophysiologie



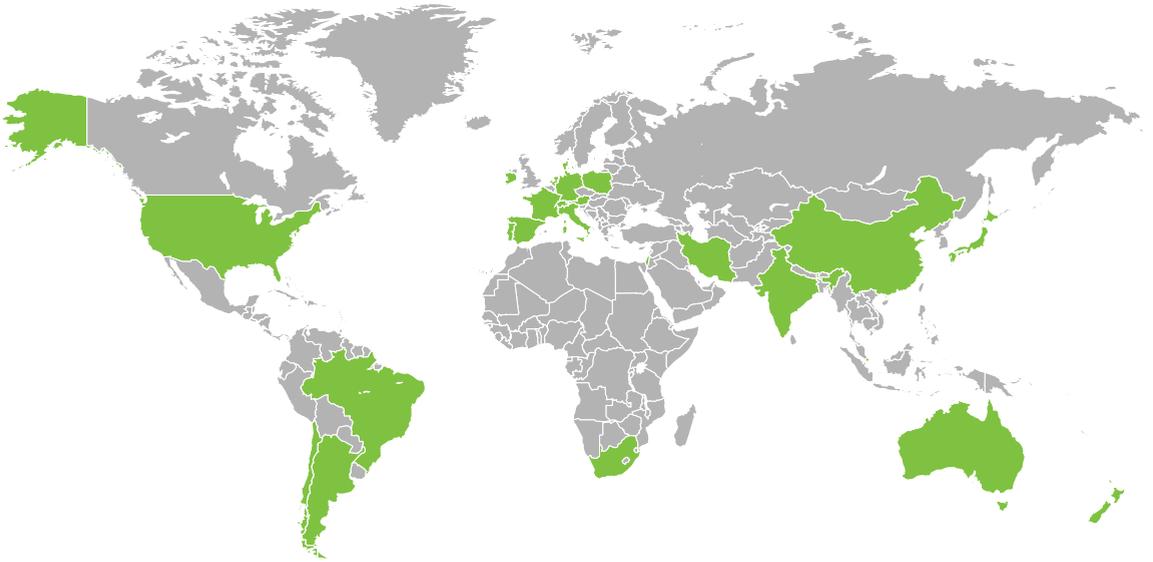
Seit es Prof. Bock bereits Anfang der 2000er Jahre gelungen ist, das Erbgut in den Chloroplasten von Tomatenpflanzen zu verändern, wurden von ihm und seinem Team die Untersuchungsmethoden und -techniken zur Transformation weiterentwickelt. Das hat zu einer ganzen Reihe neuer Forschungsergebnissen geführt.

So geht es bei den aufgeführten Arbeiten, zum einen um die Entdeckung des horizontalen Genomtransfers, bei dem an Pfropfstellen ganze Chloroplasten- und Kerngenome von Pflanze zu Pflanze übertragen werden können. Zum anderen ist ein Beispiel aufgeführt, wie durch Veränderungen im Chloroplastengenom Pflanzen vor Schädlingen geschützt werden können. Die aktuellste Arbeit zu diesem Themenkreis zeigt erstmalig, wie das Chloroplastengenom der Modellpflanze Arabidopsis transformiert werden kann, was neue Möglichkeiten für die Photosynthese-Forschung sowie für die Untersuchung der Wechselwirkungen zwischen Chloroplasten und Kern eröffnet.

In den beiden letztgenannten Veröffentlichungen geht es nicht um Forschung an Chloroplasten, sondern um die Entdeckung des Mechanismus, wie Pflanzen die Sauerstoffverfügbarkeit messen, was z. B. bei Überschwemmungen eine Rolle spielt, sowie um die Entdeckung eines Mechanismus, der die Bildung von Kalzitkristallen und -schuppen bei einer wichtigen Gruppe von Meeresalgen beleuchtet.

1. a) Stegemann, S. and Bock, R. (2009). Exchange of genetic material between cells in plant tissue grafts. *Science*, 324, 649-651.
b) Fuentes, I., Stegemann, S., Golczyk, H., Karcher, D. and Bock, R. (2014). Horizontal genome transfer as an asexual path to the formation of new species. *Nature*, 511, 232-235.
2. Zhang, J., Khan, S. A., Hasse, C., Ruf, S., Heckel, D. G. and Bock, R. (2015). Full crop protection from an insect pest by expression of long double-stranded RNAs in plastids. *Science*, 247, 991-994.
3. Ruf, S., Forner, J., Hasse, C., Kroop, X., Seeger, S., Schollbach, L., Schadach, A. and Bock, R. (2019). High-efficiency generation of fertile transplastomic Arabidopsis plants. *Nature Plants*, 5, 282-289.
4. Licausi, F., Kosmacz, M., Weits, D. A., Giuntoli, B., Giorgi, F. M., Voesenek, L. A., Perata, P., van Dongen, J. T. (2011). Oxygen sensing in plants is mediated by an N-end rule pathway for protein destabilization. *Nature*, 479, 419-422.
5. Gal, A., Wirth, R., Kopka, J., Fratzl, P., Faivre, D., Scheffel, A. (2016). Macromolecular recognition directs calcium ions to coccolith mineralization sites. *Science*, 353, 590-593.

Wissenschaft ist grenzenlos



Viele Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus dem In- und Ausland kommen als Doktoranden oder Postdoktoranden ans MPI-MP. Im Zuge ihrer wissenschaftlichen Karriere verlassen die Nachwuchswissenschaftler*innen das Institut, um in Deutschland oder weltweit gute Positionen anzunehmen. Sie stehen hoch im Kurs. Egal ob Asien, Nord- oder Südamerika, Australien oder Neuseeland ehemalige MPI-MPLer sind innerhalb Europas und weltweit vertreten. Sie führen ihre Karriere entweder in der Wissenschaft fort oder arbeiten in Industrieunternehmen. Die Karte zeigt, wo unsere ehemaligen Forscherinnen und Forscher zu finden sind. Aus diesen persönlichen Verbindungen ergeben sich häufig weitere wissenschaftliche Kooperationen für die Pflanzenforschung mit Themen, die nationale und internationale Relevanz besitzen.



Institut

Gegründet **1994** • **3** wissenschaftliche Abteilungen • bis zu **3** unabhängige Nachwuchsgruppen • Universitätsgastgruppen • **6** Servicegruppen • ca. **400** Mitarbeiter*innen aus mehr als **30** Nationen • **9.500 m²** Büro- und Laborflächen (inklusive Neubau) • **1.000 m²** Gewächshausfläche • **500 m²** Pflanzenwuchskammern • **2.000 m²** Sommergewächshaus

Ausbildung

Augenblicklich **80** Doktorstudenten • ca. **20** Promotionen pro Jahr • **400** Promotionen in **25** Jahren • Doktorandenprogramm: International Max Planck Research School (IMPRS) „Primary Metabolism and Plant Growth“ • wissenschaftliche Seminare

Angebote extern

- ▶ „Komm ins Beet“ Führungen zum Thema Nutzpflanzen: Herkunft, Züchtung und Forschung ↘ www.komm-ins-beet.mpg.de
- ▶ „Frag die Erbse“ Broschürenreihe
- ▶ „Pimp your brain“ Filme



Impressum & Kontakt

Herausgeber: Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie, Mai 2019
Text und Redaktion: Ursula Ross-Stitt, MPI-MP, Dr. Ulrike Glaubitz, MPI-MP
Layout: pigurdesign, Potsdam

Adresse: Am Mühlentberg 1 • 14476 Potsdam-Golm
Telefon: +49 331-567 80 • Fax: +49 331 567-8408
E-Mail: contact@mpimp-golm.mpg.de