

die strukturelle Analyse des Toc-Kern-Komplexes sowie dessen funktionelle Rekonstitution in proteinfreien Membranen bei. Als Ergebnis dieser Studien konnte erstmals der molekulare Mechanismus des Vorstufenproteintransports aufgezeigt werden.

Darüber hinaus ermöglichte die Analyse der Rezeptoren aus der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* einen ersten Einblick in die plastidentyp-spezifische Funktion dieses Komplexes. So werden die beiden untersuchten Rezeptoren der Toc34-Klasse unterschiedlich durch Phosphorylierung reguliert und besitzen außerdem unterschiedliche Affinitäten für verschiedene Substrate.

### 2.1.2 Horst-Wiehe-Preis

Der Horst-Wiehe-Preis wurde verliehen an Herrn Dr. Jelich-Ottmann für seine herausragende Dissertation „Das Phytotoxin Fusicoccin: Strukturelle Grundlage seines Wirkmechanismus“.

Herr Jelich-Ottmann ist 32 Jahre alt, hat in Bochum Biologie studiert und in der Arbeitsgruppe von Frau Claudia Oecking seine Diplomarbeit angefertigt und anschließend, zunächst noch in Bochum, dann am ZMBP in Tübingen, promoviert.

Im Mittelpunkt seiner Promotionsarbeit standen Untersuchungen zur Interaktion des Fusicoccin-Bindeproteins mit der Protonen-ATPase der Plasmamembran. Fusicoccin ist ein pilzliches Toxin, das über die Aktivierung der Protonen-ATPase zu einer raschen Hyperpolarisierung der Plasmamembran von Schließzellen führt, verbunden mit einer Ansäuerung der Zellwand und einem Einstrom von Kalium-Ionen. Dies führt zu einer permanenten Öffnung der Stomata, damit zu einem starken Wasserverlust und letztlich zum Tod der Pflanze. Fusicoccin wird daher auch als Welke-Toxin bezeichnet.

Bei dem Fusicoccin-Bindeprotein handelt es sich um ein so genanntes 14-3-3-Protein, das für die Fusicoccin-Bindung auch die Anwesenheit der Protonen-ATPase, also einen ternären Komplex erfordert. In diesem Komplex liegt die ATPase in einem irreversibel aktiven Zustand vor.

Über den souveränen Einsatz eines weiten Methodenspektrums, von der Proteinbiochemie über die Molekularbiologie bis zur Kristallographie, konnte Herr Jelich-Ottmann die Struktur dieses ternären Komplexes aufklären. Vor allem gelang es ihm, die Bedeutung der C-terminalen Domäne der Protonen-ATPase für die Interaktion mit 14-3-3-Proteinen aufzuzeigen. Damit konnte erstmals der Wirkmechanismus eines Phytotoxins auf atomarer Ebene aufgeklärt werden.

### 2.1.3 Wilhelm-Pfeffer-Preis

Der Wilhelm-Pfeffer-Preis wurde verliehen an Frau Dr. Sophie Karrenberg van der Nat in Anerkennung ihrer Dissertation mit dem Titel „Tree Regeneration on the Flood Plain of an Alpine River“. Die Dissertation analysiert das longitudinale Muster der Pioniergehölze am Tagliamento-Fluss in Nordostitalien in Verbindung mit den Lebensabläufen, der Fortpflanzung und Regeneration der dort vorherrschenden Salicaceen. Der ökologisch-analytische Teil wird mit originellen experimentellen Untersuchungen zur vegetativen und generativen Regeneration der Arten kombiniert. Der wissenschaftliche Ansatz schließt

den Einsatz von modernen biomechanischen Methoden, die Verbindung unterschiedlicher botanischer Fachdisziplinen und eine effiziente internationale Kooperation, insbesondere mit den Arbeitsgruppen von Prof. Thomas Speck, Freiburg, und Prof. Johannes Kollmann, Kopenhagen, ein. Er ist logisch, effektiv und erfolgreich. Die evolutionären Aspekte der Differenzierung von sechs Stammarten der Salicaceen wurden in hervorragender Weise integriert.

## 2.2 Tagungsberichte

### 2.2.1 Kurzbericht: 15th Conference on Arabidopsis Research

*Arabidopsis thaliana* dient als führender Modellorganismus zur Aufklärung der Funktionen aller wichtigen Pflanzengene, den weltweit über 13 000 Forscher untersuchen. Nach fast 30 Jahren fand die diesjährige internationale Arabidopsis-Konferenz wieder in Deutschland statt. Im Berliner ESTREL Convention Center tauschten 1200 Teilnehmende aus aller Welt vom 11. – 14. Juli die neuesten Ergebnisse in der Arabidopsis-Forschung aus. 76 Vorträge, 840 Poster und fünf Workshops lieferten sowohl einen breiten Überblick über den Stand der Forschung als auch vielfältige, detaillierte Informationen. Dies wurde durch eine neue, sehr begrüßte Struktur der Konferenz erreicht: In Überblicksvorträgen wurde zunächst in ein Forschungsgebiet eingeführt, bevor die Themen in Symposienvorträgen vertieft wurden.

Mit dem rapsverwandten Wildkraut *Arabidopsis thaliana* wurde vor vier Jahren erstmalig ein Pflanzengenom vollständig sequenziert. Zu diesem Zeitpunkt war allerdings nur für neun Prozent der Arabidopsis-Gene eine Funktion bekannt, inzwischen sind es zwanzig Prozent. Verschiedene Genomprojekte machten deutlich, dass die Zahl der Gene allein kein Maß für die Vielgestaltigkeit eines Organismus sind, die sich eher an der Aktivität der Gene und der Komplexität der Regulation ablesen lässt. Der Aufbau einer multilateralen Datenbank zur Genexpression ist deshalb momentan eine der wichtigsten Aufgaben der Arabidopsis-Forschung. In einem Workshop während der Konferenz wurden brandaktuelle Ergebnisse des in Deutschland initiierten und in Form einer internationalen Zusammenarbeit etablierten AtGenExpress vorgestellt. Im Rahmen dieses maßgeblich durch die DFG geförderten Programms zeigen ca. 1000 Momentaufnahmen (GenChip-Hybridisierungen) die Expression nahezu aller Arabidopsis-Gene in verschiedenen Organen zu unterschiedlichen Entwicklungsstadien, unter Stress oder Schädlingsbefall, oder unter dem Einfluss von Phytohormonen. Man erwartet davon vielfältige neue Hinweise auf die Funktion(en) von Genen, aber auch Informationen über regulatorische Netzwerke. Auf dem Weg zur Systembiologie ist die Kenntnis der Gesamtheit der Genregulation ein wesentlicher Meilenstein. Die Methodenentwicklung zur Integration der Information über die Genaktivität, die Eigenschaften der kodierten Proteine, die Änderungen der Metabolite und der Wachstumsprozesse ist dafür besonders gefragt. Gloria Coruzzi präsentierte neuartige Computerprogramme, die für Datenintegrationen verschiedener Formate und zur Darstellung von Netzwerken verwendet werden können. Auch die Modellierung der Gestaltbildung spielt in diesem Zusammenhang eine wichtige Rolle und wurde eindrucksvoll im Eröffnungsvortrag von Enrico Coen präsentiert, indem er auf Verfahren zur Simulation und Modellierung pflanzlicher Entwicklungsprozesse zurückgriff, die Przemyslaw