
Jahresbericht 06/2019-08/2020

Leibniz-WissenschaftsCampus Halle –
Pflanzenbasierte Bioökonomie (WCH)

Inhalt

Vorwort - Strukturwandel nur mit Bioökonomie möglich	3
Allgemeine Darstellung	4
Organisationsstruktur	5
Mitglieder	5
Forschung	10
Verbundforschungsprojekte	10
AgriMyths – The Ethics and Economics of Modern Agricultural Myths	11
BEP Barley Epigenome Platform	14
Combioscreen – Screening new-to-nature libraries of diterpenoids generated by synthetic biology for novel anti-tumor activities	20
Dulcesterol – Purified Hydrophilized Phytosterol Intermediated – From Paper Pulp Waste to High Value Flavor Modifies	23
IDRIP – Improving drought resistance in barley by transcriptional silencing of genes with suppressor function	24
INDUCEPROT – Induced Accumulation of Recombinant Proteins in Barley Endosperm	29
MAGIC-RESIST – Identification and mapping of effective resistances against rust diseases and Fusarium in the MAGIC-WHEAT population WM-800	33
MetaLine – Establishing an extraction, screening and formulation pipeline for bioactive metabolites with anticarcinogenic and antifungal potential from plants and fungi in heavy-metal plant communities	38
Parasit – pathogen resistance achieved by plant-induced silencing of fungicide target genes	49
PhenoWood – Process development for the production of phenolic compounds from wood	56

WOLF – Weed control by biological compounds identified in necrotizing plant pathogenic fungi	62
Lehre	72
In der Lehre verankert – eine Exkursion sowie eine Vorlesung im Modul „Nachwachsende Rohstoffe“ bringen Studierenden die Bioökonomie näher	74
Binärcode und Basenpaare: WissenschaftsCampus Halle und Bioinformatik der Martin-Luther-Universität machen sich für Lehre stark	75
Karrierewirksame Weiterbildung: WCH- <i>Winterschool for Postdocs</i>	76
Plattform	77
Demonstrationsplattform pflanzliche Genomeditierung	77
Mit der Herausforderung kommt die Chance: Die 8. International Bioeconomy Conference in Halle	78
Empfang am WCH: Informationsreise Usbekischer Nachwuchswissenschaftler-*innen	79
Mit Bioökonomie die Welt ernähren?	80
<i>SALON Global Agriculture</i> : Mit der Bedeutung der Bioökonomie wächst auch die Relevanz der Pflanzenforschung	81
WissenschaftsCampus Halle an Bord der MS Wissenschaft	82
<i>Leibniz Book A Scientist</i> : Das <i>Speeddating</i> mit der Wissenschaft	83
Impressum.....	84

Parasit – pathogen resistance achieved by plant-induced silencing of fungicide target genes

Principal investigators and institutions:

- Dr. Jochen Kumlehn, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research Gatersleben
- Prof. Dr. Holger B. Deising, Martin Luther University Halle-Wittenberg

Names of PhD students: Krishna Mohan Pathi, Maximilian Groß

Industry partner: KWS Saat SE, Einbeck

Project duration: 09.2016 – 03.2021

I. Project parameters

Considering the frequent incidence of fungicide resistance in phytopathogenic fungi, innovative plant protection strategies are required to ensure a sustainable production of crops. Host-induced gene silencing (HIGS), as introduced at the IPK Gatersleben by Nowara et al. ((2010) *The Plant Cell* 22:9), allows the down-regulation of specific fungal target genes in a process coined RNAi, mediated through double-stranded fungal RNA (dsRNA) produced by the host plant. Due to its activity on the nucleic acid level, HIGS acts exclusively on either individual or a well-defined group of pathogens. Equipping plants with HIGS constructs homologous to fungal target genes allows the application of this approach as a crop protection strategy.

Interdisciplinarity of the project is provided by the cooperation of experts in fungus-plant interaction on the one hand and in plant genetic engineering on the other.

The major innovation of the project relies on the fact that genes encoding fungicide target proteins are used as particularly effective targets for host-induced gene silencing.

The generation of maize that features resistance to the fungal pathogen *Colletotrichum graminicola* would provide significant benefits in the context of modern plant breeding and industrialized agriculture.

The outcome of the project will be the generation of maize plants with enhanced resistance to an important fungal pathogen, which is of substantial bioeconomic importance. Since Saxony-Anhalt has a long-standing history, tradition and internationally leading role in plant breeding research, the development of innovative solutions for crop improvement has a particular regional relevance.

II. Theory and methods

HIGS describes the occurrence of RNAi in a phytopathogenic fungus, mediated through dsRNA or antisense RNA expressed by the host plant. These ectopically expressed transcripts subsequently lead to the degradation of complementary mRNA of target genes. Thereby, translation of essential genes is hampered, resulting in reduced fungal virulence. The chosen HIGS target genes in the frame of the

PARASIT project are the *C. graminicola* β -tubulin gene *TUB2* as well as the succinate dehydrogenase encoding genes *SDH1* to *SDH4*. The proteins encoded by those genes serve as targets for two important fungicide classes. Inhibition of Tub2 protein disturbs fungal nuclear division and vesicle transport, whereas inhibition of Sdh proteins affects the mitochondrial electron transport chain and fungal respiration.

To genetically prove their indispensability, we perform targeted deletion of these genes in the fungus. Protoplasts of *C. graminicola* are transformed with deletion cassettes containing an antibiotic resistance gene as a selectable marker. Via homologous double cross-over the wild type gene is replaced by the marker gene. In case the candidate gene is indispensable, mutants are not obtained. In a second approach, the above mentioned genes are tested for their suitability as HIGS targets by pursuing an RNAi approach in the fungus, taking advantage of the pREDi reporter system in which a *DsRed* small interfering (si)RNA hairpin is expressed (Janus et al. (2007) *Appl. Environ. Microbiol.* 73:962-970). Finally, hairpin expression constructs are integrated in the maize genome so as to induce target gene silencing in invading fungi.

III. Results and perspectives

Results

To assess the essentiality of *TUB2* and *SDH* genes, targeted deletions of those genes via homologous double cross-over have been performed. Protoplasts of *C. graminicola* were transformed with deletion cassettes containing the *nat1* gene from *Streptomyces noursei* conferring resistance against nourseothricin as a selectable marker, flanked by sequences homologous to the 5'- and 3'-border regions of the wild type gene (Fig. 1A). Transformations with cassettes targeting *SDH1* and *SDH4* gathered a total of 47 monokaryotic isolates. As expected because of the assumed essentiality of *SDH* genes, only transformants with ectopic integration of the deletion cassette were obtained, as confirmed by PCR (Fig. 1B). Transformation and gaining of monokaryotic isolates with cassettes targeting *SDH2*, *SDH3*, and *TUB2* is under progress. For the RNAi approach, we used the RNAi cassette obtained from the pREDi plasmid to generate RNAi constructs targeting *SDH1* and *TUB2*. Since *SDH1* genes of *C. graminicola* and *Zea mays* show sequence identity of ~70%, off-targets are likely to occur. Thus, we used 117 bp of the highly specific 5'-untranslated region (UTR) of *CgSDH1* as target sequence. To produce a sufficient amount of siRNA, three repeats of the target sequence were integrated into restriction sites in sense and antisense orientation, respectively. Sense and antisense fragments are separated by the cutinase intron 2 of *Magnaporthe oryzae* (Fig. 1C). After constructing and sequencing the RNAi cassette, *C. graminicola* protoplasts were transformed and a total of 35 monokaryotic isolates were obtained and confirmed by genomic Southern blots (Fig. 1D). Determination of *SDH1* transcript abundance and characterization of the *SDH1* RNAi transformants as well as transformation and gaining of monokaryotic isolates of transformants with a *TUB2* RNAi cassette are in progress.

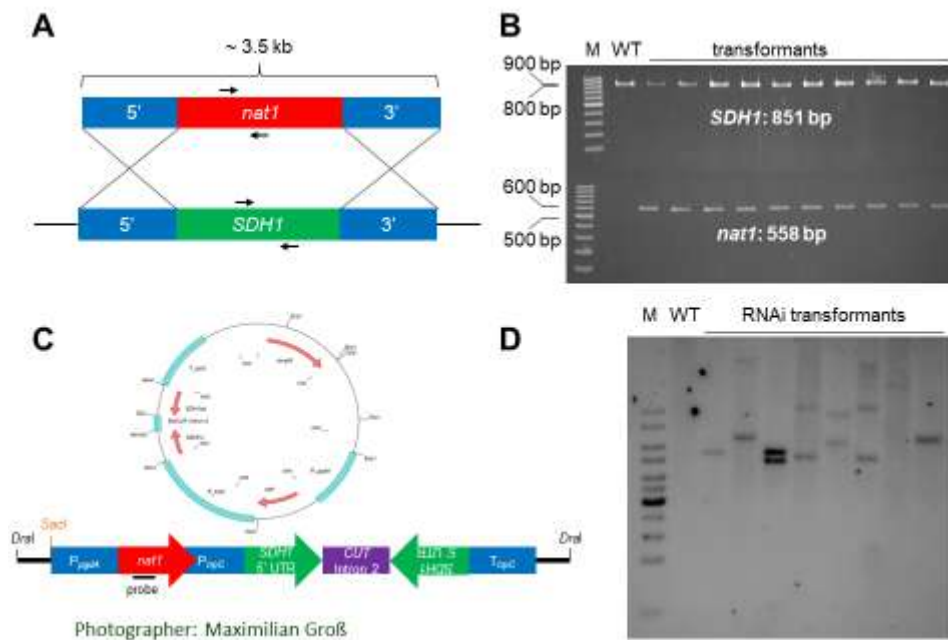
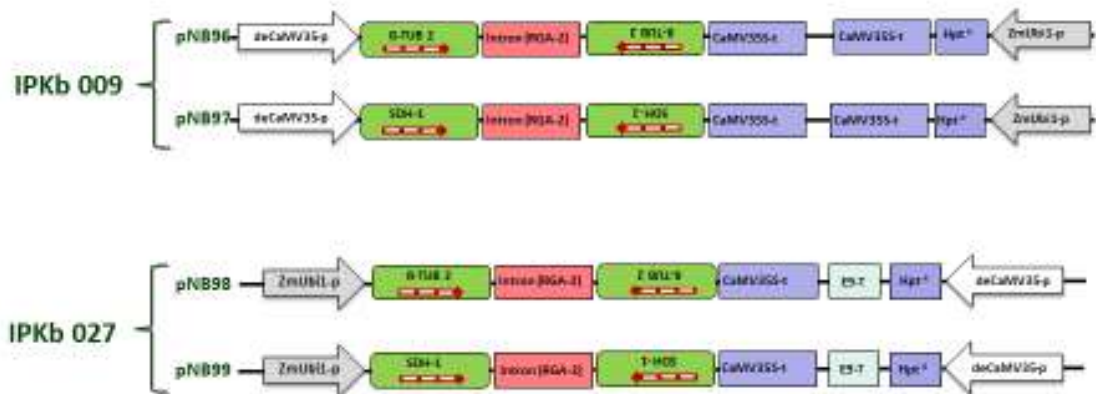


Figure 1: Confirmation of the target genes' indispensibility

- (A) Principle of the homologous double cross-over and construction of the gene replacement cassette carrying an antibiotic resistance gene (*nat1*), exemplified with *SDH1*. Arrows indicate primers used for PCR verification.
- (B) PCR verification of the ectopic integration of deletion cassettes targeting *SDH1* gene. In transformants both *SDH1* and *nat1* fragments could be amplified, indicating an ectopic integration of the resistance cassette (WT = wild type; M = marker; bp = base pairs).
- (C) Schematic map of the pREDi vector and the pREDi-derived RNAi construct. 351 bp of *SDH1* target sequence (*SDH1*-5'UTR) is integrated in sense and antisense orientation, separated by Intron 2 of the *M. oryzae* cutinase gene (*CUT* Intron 2; P_{trpC} = *A. nidulans trpC* promoter; *nat1* = antibiotic resistance gene; *SacI* = restriction enzyme used for Southern Blot digestion; probe = position of Southern Blot probe).
- (D) Southern Blot example of RNAi transformants using a probe hybridizing in the *nat1* region of the construct (M = marker; WT = wild type).

For the construction of maize transformation vectors, full-length *TUB2* and *SDH1* to *SDH4* genes were amplified via PCR from *C. graminicola* and verified by sequencing. To generate hairpin vectors for maize transformation, we used GATEWAY cloning. Artificially synthesized 5'-UTRs were used to create the intermediate vectors pIPKTA38-*SDH1* and pIPKTA38-*TUB2*. The presence of synthesized products in these entry vectors were confirmed by restriction enzyme digestion. The generic RNAi binary vectors IPKb009 and IPKb027 previously developed by the IPK partner were used to integrate the target gene-specific sequences as inverted repeats interspaced by the wheat *RGA2* intron. Maize (Hi-II hybrid) was transformed with target-specified IPKb009 and IPKb027 according to a standard transformation protocol previously established in project partner Kumlehn's laboratory. To this end, *Agrobacterium* strains carrying the pNB96 to pNB99 transformation vectors (Fig. 2) were used for the inoculation of immature embryos and co-cultivation. After co-cultivation, the embryos were transformed onto callus-

inducing medium containing hygromycin for selection. Well developed calli were transferred onto regeneration medium.



To produce sufficient amounts of siRNA, three repeats of the 117 bp target sequence were integrated into the modular binary vectors IPKb009 and IPKb027.

Figure 2: Transformation constructs for maize

The regenerated shoots were then separated into individual shoots and transferred to rooting medium (Fig. 3).

Hi-II hybrid embryos were used for *Agrobacterium*-mediated DNA-transfer

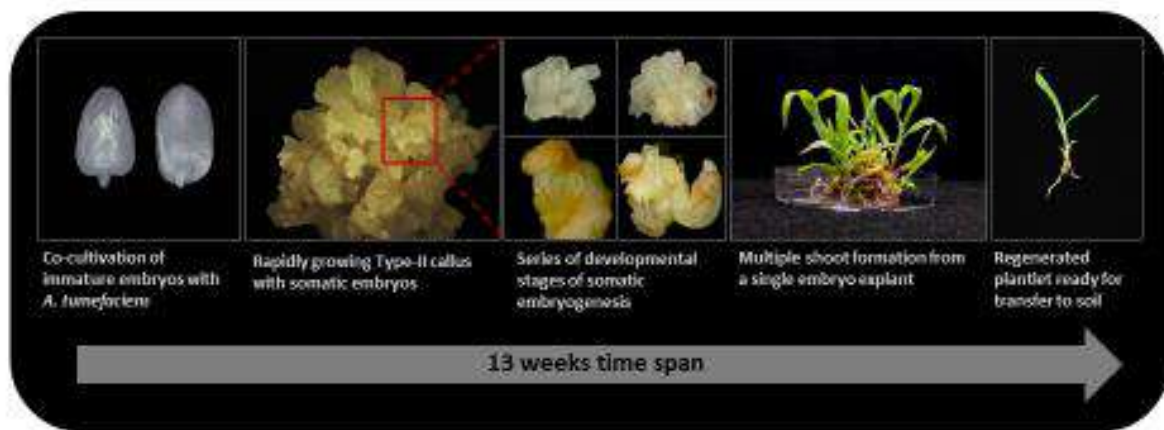


Figure 3: Maize genetic transformation procedure

The complete plantlets were transplanted to plastic pots to grow, followed by planting in a greenhouse. PCR analysis was performed with the isolated genomic DNA of young maize leaves to confirm the presence of T-DNA (Table 1).

Table 1: Summary of transformation experiments

Vector name	No. of embryos agro-infected	No. of plants produced	Regeneration efficiency (%)	Transformation efficiency (%) (PCR for selectable marker)	Transformation efficiency (%) (PCR for both inverted repeats)
pNB36	107	5	4.6	4.6	4.6
pNB37	145	34	23.4	22.7	6.8
pNB38	87	28	32.1	32.1	11.4
pNB39	220	12	5.4	5.4	5.4

In order to analyze the integration and copy number of transgenes in PCR-confirmed T_0 plants, Southern blotting was carried out with a 500 bp fragment of the *HPT* gene as a probe. Since the copy number of the transgene may affect transgene expression positively or negatively and multiple copy integration may cause gene silencing, we have selected plants with single, double, and multiple copy numbers (Fig. 4).

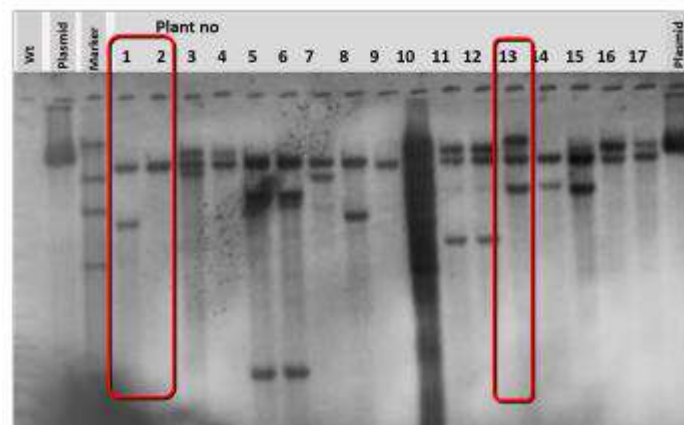


Figure 4: DNA gel blot analysis of primary transgenic plants

Those plants were self-pollinated to produce homozygous progeny. Segregation analysis of T_2 plants is in progress. For the transformation studies we used the Hi-II (AxB) hybrid because of its amenability to genetic transformation. Hi-II (AxB) is a selected inbred segregant derived from crosses between standard experimental lines A188 and B73. The inbred line B73 shows a high resistance against *C. graminicola* infections. Thus, we examined the infection potency of *C. graminicola* towards Hi-II (AxB) hybrids. Along with Hi-II (AxB) hybrid, the cultivars Golden Jubilee (highly susceptible) and Mikado (susceptible) were used for comparison. The virulence of *C. graminicola* CgM2 wildtype strain towards the different maize lines was assessed by detached leaf assays (Oliveira Garcia and Deising 2013, Plant Cell 25, 2356-2378). For quantitative PCR (qPCR) assays estimating fungal biomass, leaf disks containing the infection spot were excised at 4 dpi, DNA was extracted and qPCR was performed using primers binding in the *ITS2* region which is highly specific for fungi. Under the assumption that the amount of fungal DNA corresponds with the amount of fungal biomass, the qPCR results allow concluding the infection success of *C. graminicola* via its biomass. Results confirmed, that Hi-II (AxB) hybrid shows a similar susceptibility towards *C. graminicola* than the standard variety Mikado (Figs. 5 and 6).

Prospects for further external funding

The principle of silencing essential genes of pathogens or pests can be broadly applied. Therefore, many examples of its utilization and further methodological refinements and variations can be elaborated in future projects. Besides the expression of transgenes by host plants, target gene-specific dsRNAs can be sprayed on plants as new-generation pesticides.

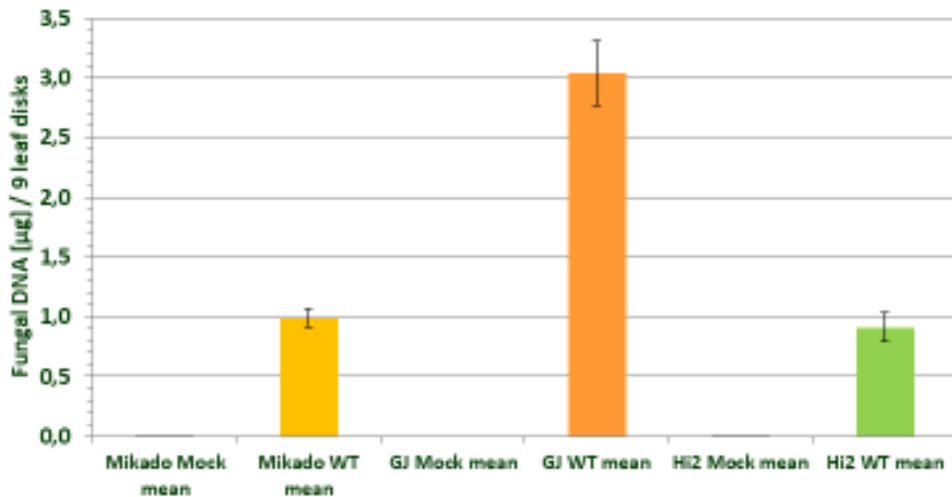


Figure 5: Quantification of *C. graminicola* biomass

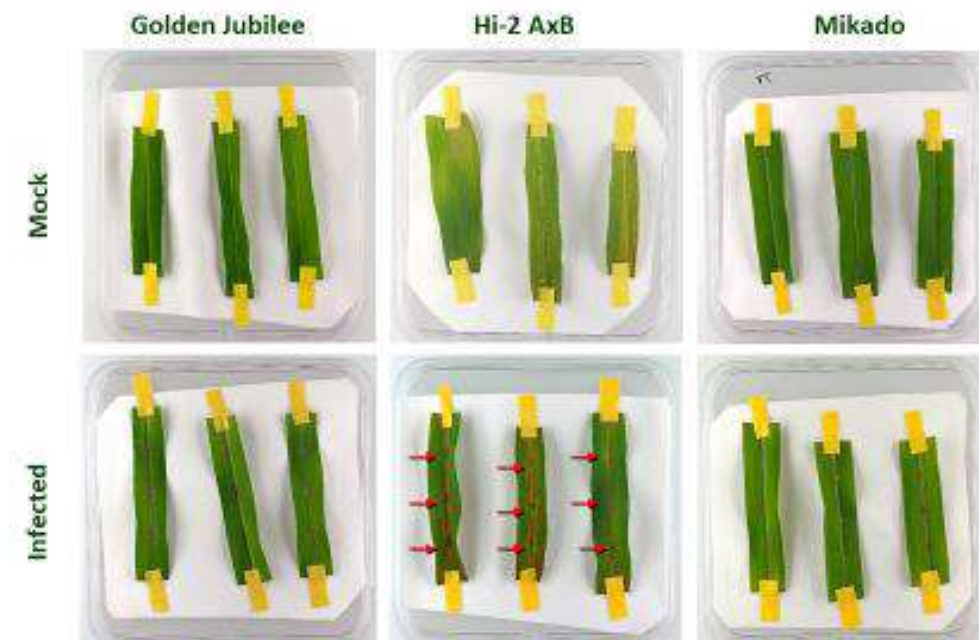


Figure 6: Infection assay and symptoms

IV Publications and presentations

Publications:

No publications resulting from the WCH-funded research for now.

Oral presentations

Pathi K. (2017) Pathogen resistance achieved by plant-induced silencing of fungicide target genes. Plant Science Student Conference, Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle (Saale).

Pathi K. (2018) RNA interference-based strategies for anthracnose disease resistance of maize. Plant Science Student Conference, Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Halle (Saale).

Pathi K. (2018) Establishment of anthracnose disease resistance of maize by RNA interference and site-directed mutagenesis. German Society of Plant Biotechnology, Neustadt/Weinstraße..

Posters

Pathi K, Budhagatapalli N, Hensel G, Büchner H, Groß M, Deising H, Kumlehn J. 2017. Pathogen resistance achieved by plant-induced silencing of fungicide target genes. German Society of Plant Biotechnology, Julius-Kühn-Institut, Braunschweig.

Pathi K, Budhagatapalli N, Büchner H, Daghma D, Groß M, Deising H, Kumlehn J. 2019. Establishment of anthracnose disease resistance of maize by Cas endonuclease-mediated mutagenesis and host-induced gene silencing. PLANT 2030 Status Seminar, Potsdam.

PhenoWood – Process development for the production of phenolic compounds from wood

Principal investigators and institutions

- Prof. Dr.-Ing. Thomas Hahn, Martin Luther University Halle Wittenberg
- Dr. Daniela Pufky-Heinrich, Fraunhofer Center for Chemical-Biotechnological Processes

PhD students: Björn Rößiger, Justin Bernhardt

Industry partners: SunCoal; B+B Engineering

Other research collaborations: DBFZ Leipzig

Project duration: 10.2016 – 09.2019

I. Project parameters

Topic of PhenoWood was the investigation of the continuous base-catalyzed depolymerization (BCD) of different types of lignin (Kraft and Organosolv), which is well known as the second most abundant terrestrial biopolymer and the only one high-available feedstock for aromatic molecules. The BCD reaction of lignin takes place under hydrothermal alkaline conditions at temperatures of 513 to 573 K, pressure of up to 250 bar and reaction times of 5 to 15 min (hydrodynamic residence time) (Rößiger et al. 2017). The BCD leads to the formation of a complex mixture of phenolic compounds and by-products, based on a cleavage of different types of ether bonds in lignin, namely alkyl-aryl- and aryl-aryl-ether-bonds. Isolation and separation of the depolymerization products have been adopted to the purpose of balancing the main product fractions and by-products to propose a simplified kinetic model of the BCD, thus, to evaluate the process kinetics, activation energies and the process design of the BCD process. The main goal of the project is to gain a deeper understanding of the mechanism to facilitate a further scale-up of this process.

The project PhenoWood mainly addresses the pillar processing and conversion always considering the raw material nature and specification on the one hand and the economic consideration of the developed process on the other hand. However, within the framework of the joint project, individual partners do not consider the entire process chain from primary plant production to socio-economic evaluation of the applied methods and processes. The main focus of the processing / conversion pillar is inter-disciplinary in the fields of process engineering, chemical catalysis and analytical chemistry.

The use of existing industry-relevant technologies for the hydrothermal conversion and product processing on the depolymerization of lignin and lignin-containing material streams to bio-based phenols is innovative and novel. The scientific challenge is to find reaction and process applications that can be transposed to industrial ones, i.e. which come close to continuous operation applying large capacities. Moreover, new products from lignin cleavage are available for different applications. Here, collaborated with associated partners for application testing are considered and ongoing.

Developments include technology demonstration in pilot scale, i.e. large scale prototype testing in intended environment close to expected performance is foreseen (TLR 5-6). Here we closely work

together with users not only in the field of applications testing of the phenolic product but also for feedstock provision and plant construction and design. Relevant inputs from the external partners are included in the project design in order to enhance industrial implementation.

The project is integrated in the Science campus focusing plant-based bioeconomy, especially the topic wood and waste wood usage is addressed. Companies from the fields of wood industry and pulp industry, plant construction and chemical manufacturers are relevant partners. There are already cooperations with companies from Saxony-Anhalt or supposed to be intensified.

II. Theory and methods

Lignin, major component of wood, has been appeared as promising resource for the production of high-value added phenolic compounds via depolymerization. Lignin is formed by three monomer units, namely *p*-coumaryl, coniferyl and sinapyl alcohol (see Figure 1). These units are linked by carbon-carbon- or ether-bonds leading to a complex, heterogeneous and highly branched structure (Zakzeski et al, 2010).

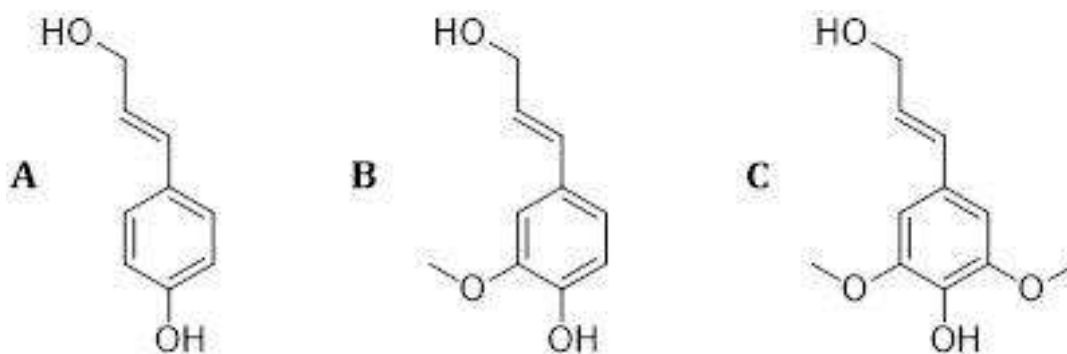


Figure 1: Chemical structures of *p*-coumaryl (A), coniferyl (B) and sinapyl alcohol (C).

During the last years, several methods to depolymerize lignin in different kind of ways have been developed (Sun et al., 2018). The base catalyzed depolymerization of lignin in aqueous solutions of sodium hydroxide leads to a cleavage of ether-bonds in lignin and to the formation of a complex mixture of mono-, di- and oligomeric phenolic compounds as well as small organic and gaseous by-products (see Figure 2). An overview of the BCD is given by Rößiger et al. (2018) and Otromke et al. (2019).

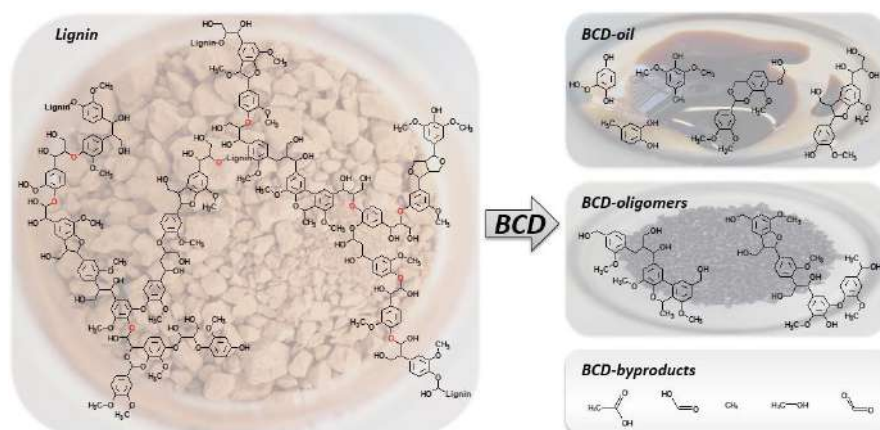


Figure 2: Reaction scheme for the base catalyzed depolymerization of Lignin

To isolate and separate the product fractions in the mixture, a standardized procedure of the Fraunhofer CBP was applied. The procedure starts with an acidification of the product mixture, which leads to a precipitation of the oligomeric products (unconverted lignin and condensation products), which afterwards are separated from the liquid phase by filtration. The oligomeric products were dried and characterized by gel permeation chromatography to determine their molecular weight distribution. Mass loss during acidification by release of carbon dioxide was determined and used for the calculation of the gas yields. The supernatant contains small organic compounds (SOC, methanol, ethanol, formic acid and acetic acid), which were quantified by high pressure liquid chromatography (HPLC) and gas chromatography (GC). Furthermore, several phenolic monomers in the supernatant were quantified by HPLC. Afterwards, the supernatant was extracted with methyl isobutyl ketone and the combined organic phases dried over sodium sulfate. Following, the solvent was removed under reduced pressure to obtain the BCD-oil, which contains the phenolic mono- and dimeric compounds. For all product fractions (SOC, gas, oligomers and oil), the yield Y , with respect to the initial lignin (water- and ash free) was calculated.

III. Results and perspectives

Results

In AP1, the development of separation and purification technologies was in the focus of investigation. Here, it has been shown that the developed procedure for the isolation and separation of product fractions, as described above, facilitates to quantify the majority of educts and products (mass balances around 95 wt.%). Furthermore, it has been shown, that the separation of the precipitated oligomeric products can be eased by a short heat-up of the suspension, what could be explained by an aggregation of the lignin particles.

For an investigation and optimization of reactor technologies in AP2, residence time experiments were applied. These experiments have been shown, that packaging balls made of stainless steel or glass (diameter 4 mm) in the plug flow reactor (1 m length, internal diameter of 38 mm) of the pilot plant enables a laminar flow pattern, while a reactor without any packaging suffers in a more turbulent flow,

which leads to higher residence times, hence, more undesired repolymerization reactions of the products.

AP3 addressed the optimization of the whole depolymerization process. Here, using design of experiments, a model equation for the yield of oligomers and oil in dependence on temperature, mass flow of the reactants, reactor volume and sodium hydroxide concentration was determined. For instance, Figure 3 shows the influence of mass flow and temperature on the yield of oligomers. Here, high yields of oligomers have been obtained at low temperatures and high mass flows, while high oil yields have been obtained at high temperatures and low mass flows.

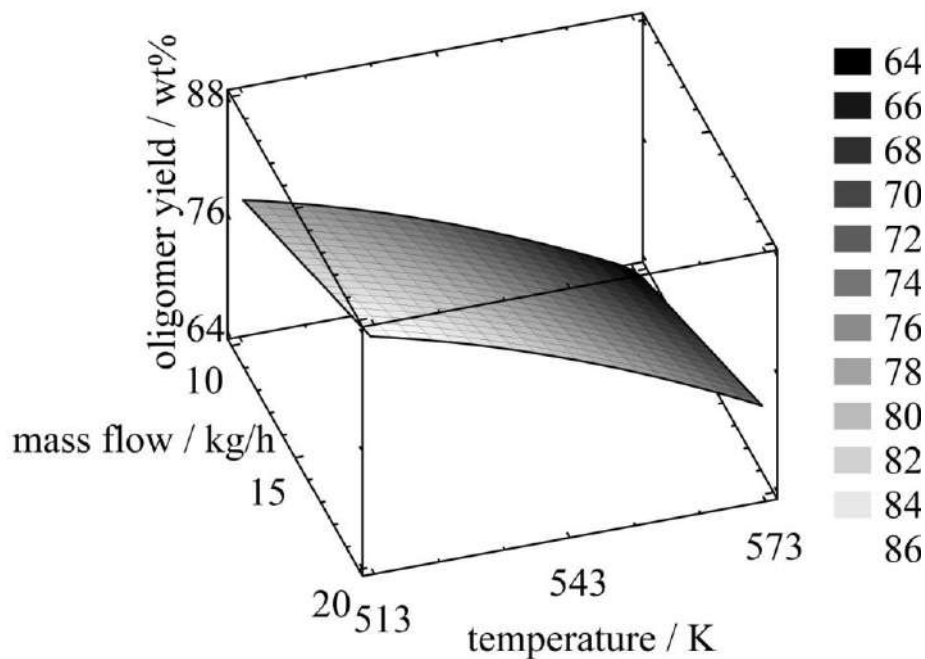


Figure 3: Influence of mass flow of the reactants and temperature on the yield of oligomers, 1,67 wt.% NaOH, 5 wt.% Kraft Lignin, reactor volume 1 L.

Further, to determine rate reactions and activation energies of the depolymerization reaction, a simplified kinetic model was proposed and evaluated (see Figure 4 left). From this model, activation energies of 37 and 22 kJ/mol for the BCD with 1.67 and 2.50 wt.% NaOH, respectively, were determined, which are in good agreement with values reported in the literature. For example, for the BCD with 1.67 wt.% NaOH and 5 wt.% kraft lignin, the time-dependent model fit of the oligomers, liquid products and gas and their experimental values is shown in Figure 4 right.

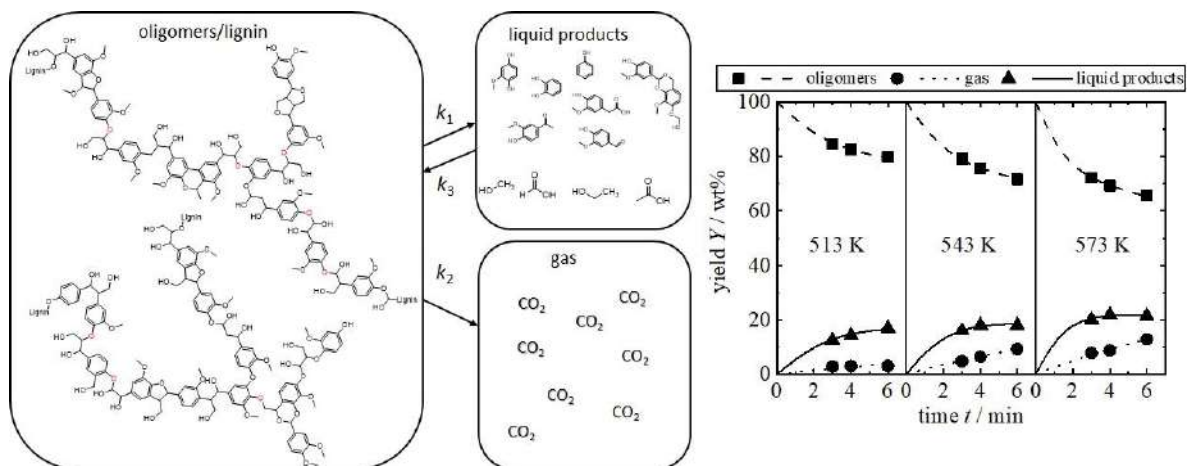


Figure 4: Proposed simplified reaction network (left) and comparison between the time-dependent model fit (lines) of oligomers, liquid products and gas and their experimental values (symbols), 1.67 wt.% NaOH, 5 wt.% kraft lignin, reactor volume 1 L (right).

Since an evaluation of the BCD process showed that sodium hydroxide has a noticeable impact on its economic balance and causes a significant carbon dioxide footprint (Gröngröft et al., in preparation), an additional aim of AP3 was to minimize the amount of sodium hydroxide. Several experiments have been shown that the NaOH concentration can be reduced to 1.25 wt.% with 5 wt.% lignin without the occurrence of technical problems like pipe-blocking in the pilot plant. Comparable experiments have been shown feasible with 10 wt.% lignin (Organosolv and Kraft) and 2.5 wt.% NaOH.

Analytical characterization of the phenolic compounds in AP4 comprises the quantification of main phenolic compounds and by-products. Besides identification of the major phenolic monomeric products phenol, guaiacol, catechol, vanillin and syringol, the HPLC analysis of further alkylphenols (e.g. ethylguaiacol) and vanillin derivatives (e.g. acetovanillone) was carried out.

Prospects for further external funding

The prospects for further external funding are very good. Follow-up projects have already been drawn up and submitted. Close cooperation with industrial partners from pulp and paper industry as well as manufacturing industry and application engineering is aimed at achieving industrial implementation of the process in medium term (5-10 years).

IV: Literature

Gröngröft A, et al., in Preparation for Biomass Conversion and Biorefinery

Otromke M, et al (2019) *Carbon Resour. Convers.* 2: 59–71

Rößiger B, et al. (2018) in M. Poletto (Ed.), *Lignin - Trends and Applications*, InTech.

Rößiger B et al. (2017) *Green and Sustainable Chemistry* 7:193–202

Sun Z et al. (2018) *Chem. Rev.* 118 : 614–678

Zakzeski J et al. (2010) *Chem. Rev.* 110 : 3552–3599

V. Publications and presentations

Publications:

No publications resulting from the WCH-funded research for now.

Oral presentations:

Pufky-Heinrich D, 2018. Biomasse als chemischer Rohstoff, Parlamentarischer Abend des Wissenschaftscampus Pflanzenbasierte Bioökonomie Halle, Magdeburg.

Rößiger B. 2019. Catalytic Conversion of Lignin to Bioaromatic Compounds – Process Design and assesment for industrial Application, 4th Green & Sustainable Chemistry Conference, Dresden.

Thiele K. 2019. Katalytische Konversion von Lignin zu bioaromatischen Verbindungen – Prozessdesign und Bewertung für die industrielle Umsetzung, 5. Fachforum für hydrothermale Prozesse, Leipzig.

WOLF – Weed control by biological compounds identified in necrotizing plant pathogenic fungi

Principal investigators:

- Prof. Dr. Holger B. Deising and Prof. Dr. Csuk, Martin Luther University Halle-Wittenberg
- Dr. Arnold, Norbert: Leibniz Institute of Plant Biochemistry

PhD students: Renata Amorim, Lea M. Schmitz

Industry partner: Bayer Weed Control, Frankfurt

Project duration: 08.2019-07.2022

I. Topic, open questions and purpose

The enormous structural diversity of fungal secondary metabolites (SMs) and, more importantly, their high potency make fungal phytotoxins attractive as a new source of herbicides (Duke, Dayan et al., 2000; Varejão, Demuner *et al.*, 2013). In addition, new fungal metabolites may have novel modes of action that are not covered by synthetic herbicides. Furthermore, the fungal metabolites may address several targets simultaneously, which decreases the risk of resistance development (Duke et al., 2000; Triolet et al., 2019). Based on this rich reservoir of putative herbicides it is surprising that there is no fungal molecule-based product on the market so far (Triolet et al., 2019). One reason might be that secondary metabolism gene clusters are silent under standard laboratory conditions and, consequently, no compounds have been identified (Brakhage and Schroeckh, 2011; Derntl et al., 2017). This project aims at obtaining deletion mutants of genes controlling secondary metabolism in *Colletotrichum graminicola*, enabling the expression of silent gene clusters and the secretion of SMs. Subsequently, natural fungal SMs of *C. graminicola* exhibiting herbicidal activity to be used in bio-compatible weed control strategies will be identified. Furthermore, understanding of regulatory aspects of secondary metabolism and production of necrotizing SMs will be improved.

II. Theory and methods

Extraction:

Cultures of *Colletotrichum graminicola* provided by the Deising lab were investigated for their herbicidal activity. Mycelium and culture broth were separated and independently investigated according to Figure 1. All extracts were tested for their phytotoxic activity.

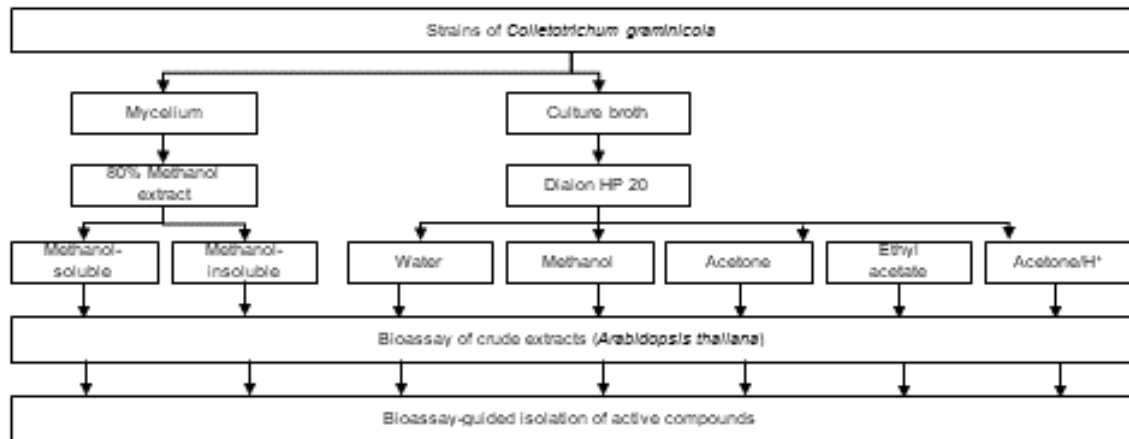


Figure 1: Extraction process (Lea Schmitz)

Leaf-Spot Assay (Dicotyledones):

All extracts/fractions were tested for their herbicidal activity in a modified leaf-spot assay (Evidente 1995). A droplet (5 µL) of a methanol/water (1:1) containing 500 µg of crude extract was placed on the surface of a leaf from *Arabidopsis thaliana* Col-0 grown in the greenhouse. The plants were incubated for 24 h in the greenhouse and formation of necrosis was monitored.

III. Results and perspectives

Chemical investigations:

Methanolic crude extracts of the mycelia caused necrosis on the leaf surface, whereas the methanol-insoluble fraction exhibited no activity. In case of the crude extracts of the media, only methanol soluble fractions showed activity and only under certain growth conditions. Importantly, the strongest necrosis were caused by extracts of *C. graminicola* grown in a medium containing a nitrogen source and in the absence of glucose. Results of the bioassay are given in Tables 1-3.

Table 1: Criteria for activity (Lea Schmitz)

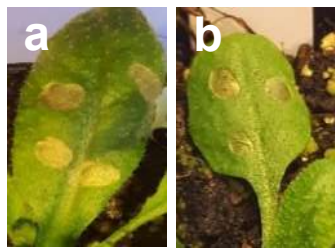
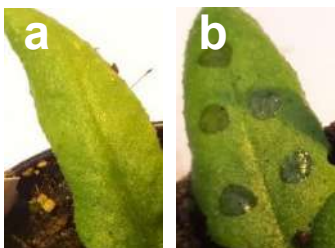
active		Extract colorless (a) or B (b); necrotic areas slightly yellow-brown
inactive		Extract colorless (a) or brown (b); no necrotic cells observable

Table 2: Bioactivity of crude extracts (methanol soluble) from mycelia (Lea Schmitz)




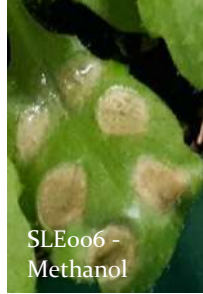


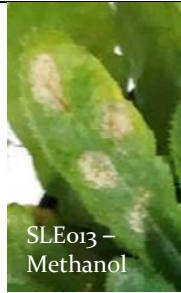


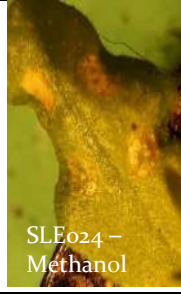








Strain	Condition	+ N + Glc	+ N - Glc	- N + Glc	HMG
Wild type					
→ Activity		++	+++	+++	+++
Δ KMT6					
		++	++	++	Not available
Δ KMT5					
→ Activity		+	++	++	(+)

Table 3: Bioactivity of crude extracts (methanol soluble) from media (Lea Schmitz)

Strain \ Condition	+ N + Glc	+ N - Glc	- N + Glc	HMG
Wild type				
→ Activity	+	+++	+	-
Δ KMT6				
→ Activity	+++	-	-	Not available

The first step aims at finding a suitable SM-inducing medium for *C. graminicola*. Therefore, four different media were tested. Methanolic crude extracts of the mycelia and methanol soluble fractions of the media were analyzed via HPLC-DAD to characterize the effect of the cultivation medium on formed metabolites.

Mutagenesis:

The *XPP1* gene, previously described as a repressor of secondary metabolism (Derntl et al. 2015; Derntl et al. 2017), is thought to represent a global regulator of primary and secondary metabolism and was therefore deleted in *C. graminicola* via targeted mutagenesis. Through homologous recombination, the *XPP1* gene was exchanged by the hygromycin phosphotransferase gene (*HPH*), allowing the selection of the mutants in medium containing hygromycin. Southern blot analysis confirmed successful deletion of the gene and single insertion of the deletion cassette (Figure 2). Selected deletion mutants and ectopic strains will proceed to the next steps of cultivation and chemical analysis or SMs produced under the conditions described above.

Previously generated *C. graminicola* deletion mutants of the H3K27 methyltransferase *Kmt6* and of the histone H4K20 methyltransferase *Kmt5*, establishing repressive histone modification marks (Connolly et al. 2013) are also being cultivated. Preliminary results of plant necrotizing assays comparing the crude extract from mutants and wild type strains are given in Table 2 and 3.

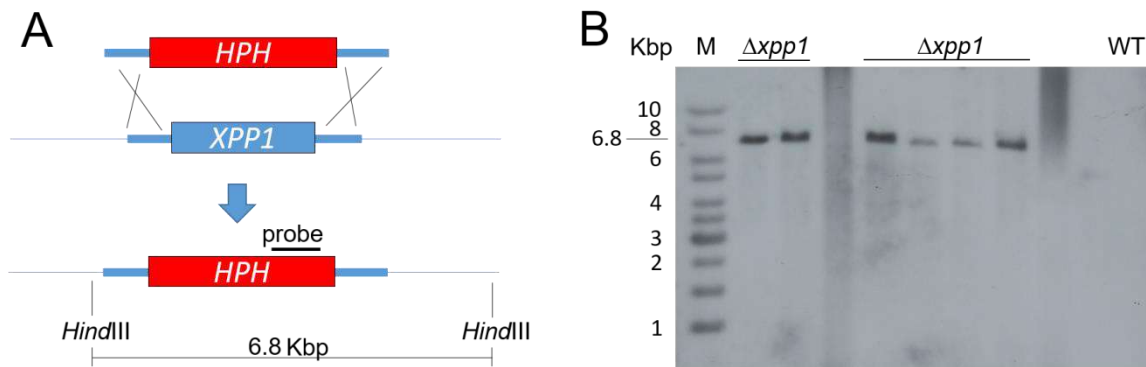


Figure 2: Southern blot analysis of *C. graminicola* strains.

A. Scheme of XPP1 deletion. Successful deletion is indicated by homologous integration of the HPH gene, residing on a 6.8 Kbp DNA fragment.

B. After digestion of chromosomal DNA with HindIII and hybridization with a DNA probe directed against a 6,8 bp fragment harboring the HPH gene six $\Delta xpp1$ mutants were identified (Renata Amorim)

Growth conditions/method cultivation:

The manipulation of regulatory genes that govern secondary metabolism combined with the selection of best inductive conditions can result in activation of SMs production. Based on that, five different media were tested until present. Erlenmeyer flasks (1 L) containing 4 g of cotton wool and 200 mL media were inoculated with two mycelium plugs of 1 cm² and incubated at 23°C, without agitation for 13 days. Preliminary results indicate that larger yields of culture broth and mycelia are required for complete chemical characterization and plant necrotizing assays.

IV. Literature

Brakhage AA and Schroeckh V (2011). *Fungal Genet. Biol.* 48: 35-48.

Connolly LR et al. (2013) *PLOS ONE* 9: 1-18.

Derntl C et al. (2015) *Biofuels* 8:112

Derntl C et al. (2017) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 10: E560-E569.

Duke SO et al. (2000) *Weed Res.* 40: 99-111.

Evidente A (1995) *Phytochemistry* 40: 1637-1641.

Triolet M et al. (2019) *Weed Res.* 60: 60-77.

Varejão EVV et al. (2013) *Crop Prot.* 48: 41-50.

V. Publications

No publications resulting from the WCH-funded research for now

Junior Research Group: Economics and Institutions of the Bioeconomy

Principal investigator and institution

- Dr. Lioudmila Chatalova, Leibniz Institute of Agricultural Development in Transition Economies

PhD students: Lanjiao Wen, Brian Beadle

Industry partner: BioEconomy Cluster Central Germany

Other research collaborations: University of Art and Design Burg Giebichenstein, Halle (Saale);
Institute of Science and Ethics, Bonn; Huazhong Agricultural University (China)

Project duration: 12.2017-06.2021

I Project parameters

Current national and supranational bioeconomy strategies call for the rapid development of breakthrough innovations that can unlock the potential of plant biomass for a whole range of industries and usher in a comprehensive societal transformation towards more sustainability. The accompanying academic and practitioners' debates tend to deal with technological improvements in input and throughput efficiency. The research group draws attention to the essential questions regarding the growth-orientation of business models, employment of highly qualified technologists, the availability of plant biomass, its sustainability, risks and social acceptancy. The research agenda seeks to illuminate some of the critical points in the transition to the plant-based bioeconomy by addressing the role of innovation-driven advances and disruptions on the level of industries and market institutions. It applies conceptual and empirical analyzes of current and emerging trends in the bioeconomy with a special attention to the economic region of Central Germany.

The Junior Research Group aims to contribute to developing strong economic competences at the ScienceCampus Halle in addressing upcoming economic and institutional challenges of a plant-based bioeconomy. The relevant research fields involve entrepreneurship, markets, circular economy and value chains, institutional governance, innovations, business ethics, and societal acceptance of the bioeconomy. The group promotes stronger awareness of economic and societal issues related to a plant-based bioeconomy and works on establishing international networks between the involved partners of the ScienceCampus Halle.

The research program addresses the role of innovation-driven advances and disruptions in a bioeconomy viewed as a social and ecological modernization of the economic model. Economic choices in a plant-based bioeconomy are therefore analyzed as being socially embedded and responsive to the feedback on the part of consumers, ecology, and society in general. Correspondingly, methodological tools of economic analysis are extended by ethical, sociological and biological perspectives. This approach is supposed to anticipate the economic and institutional impacts of innovation-driven transformations and thus to contribute to the balancing of the technocratic and societal visions of sustainable development.

The socioeconomic perspective of the research group covers the technocratic and sustainability-oriented visions of the plant-based bioeconomy, which allows deriving implications for resource management, corporate social responsibility strategies and policy agendas.

The research program seeks to strengthen research efforts among various scientific disciplines – such as business ethics, environmental and agricultural economics and sociology – and encourage cooperation between the natural scientists of the ScienceCampus and regional bio-based industries. Along with scientific research, the group is engaged in manifold transfer activities. Lecture series on the bioeconomy, interactive public discussions, interviews, and different mass media outlets are used to increase the visibility of the ScienceCampus Halle for external partners and other relevant stakeholders and promote a dialogue with various social groups.

II. Theory and methods

Methodologically, the group applies a variety of theoretical concepts and analysis tools. For example, a biological model of population dynamics in an ecosystem, mathematically described by Lotka-Volterra equations, is applied to assess sufficiency in production and consumption of plant biomass as an economic option along with economic efficiency and environmental consistency. A survey and semi-structured interviews among the members of the BioEconomy Cluster Central Germany is conducted to identify the prevalent innovation types and to project future innovation activities in the regional bioeconomy. Network and cluster analysis is used to assess the key network and cooperation effects on knowledge and (highly qualified) labor sourcing in the regional Biotech Cluster. New fields of corporate social responsibility of agricultural producers in a circular bio-based economy are studied conceptually and empirically using comparative case studies, stakeholder interviews, the theory of social change in organizations, and the theory of the firm as a political actor.

Dynamic programming modelling and the framework of Transaction Cost theory are used to address the effects of different scenarios of non-food biomass production on land use, farm structures, economies of scale, new business opportunities for smaller producers, and on the (dis)economy of scale in established industries. The macroeconomic concept of Kondratieff Long Waves is used to anticipate possible development trajectories of bio-based industries, major conflicts, and social responses to them. Theoretical frameworks of innovation and transition literature are reviewed for their capacity of explaining societal decoupling along the major biotechnological innovations.

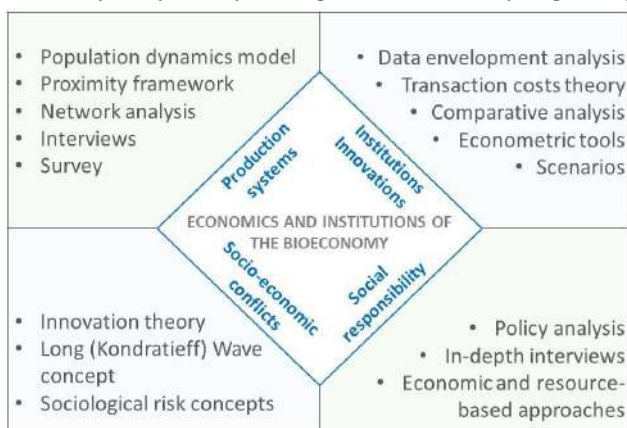


Figure 1: Overview of the applied methods

III. Results and perspectives

In 2019, a number of novel results have been obtained. One of already finalized studies (Chatalova, in press) that draws on the Lotka-Volterra model of population dynamics illustrates the effect of alternative resource use strategies – sufficiency, economic efficiency and ecological consistency – and their combinations on the socioeconomic sustainability. It defines the basic organization of the plant-based bioeconomy by a set of three coupled differential equations, which describe growth dynamics of mutually dependent subsystems, namely bio-based industries, plant biomass, and arable land, in analogy to predator-prey interactions in an ecosystem. The results show that even significant improvements in economic efficiency, either through higher factor productivity (technological advance) or higher biomass availability (biotechnological innovations), only stimulate resource overexploitation, unavoidable taking the system on an unsustainable path. However, the pressure from a moderate consumption of bio-based products (consumers' sufficiency) that reduces the amount of land under biomass crops, has a system-stabilizing effect. If complemented by producers' sufficiency through deliberate degrowth or lower intensity of resource consumption, the swings in economic dynamics might be further reduced. In an economy, seeking to align its economic interests with the carrying capacity of the environment, sufficiency presents a critical element of the negative-feedback mechanism that regulates resource consumption. These observations inform bioeconomy policies, which rely primarily on (bio)technological innovations.

Two further studies (Chatalova and Wolz, 2019a; 2019b) address the topic of new fields of corporate social responsibility in the bioeconomy due to the establishment of coupled production systems and a circular economy. The qualitative analysis in the context of German agricultural enterprises highlights the non-economic relevance of agricultural producers and their catalytic effect on integrated rural actions towards economic and environmental sustainability.

An ongoing study builds on the proximity conceptual framework and several network studies to conceptualize the main channels of knowledge sourcing in a regional biotech cluster. A qualitative survey and a number of semi-structured interviews among the BioEconomy Cluster Central Germany were conducted to ascertain what information channel biotech companies use to find qualified employees. The study further investigates whether there is a systematic difference between start-ups and incumbent enterprises in knowledge sourcing on potential employees. The first results suggest that unlike larger enterprises and research organizations, start-ups tend to recruit high-skill specialists regionally or even locally, which highlights the critical role of social and geographical proximity for their odds of survival and growth. These findings might inform network-related cluster policies by exposing the complementarity and substitutability effects of the identified channels of exchanged business knowledge.

The first paper of the doctoral thesis by Lanjiao Wen looks into the question of how an increasing demand for non-food biomass affects agricultural structures (size and number) and market institutions (in terms of economies of scale) in a competitive industrial agriculture. Using the case of Eastern Germany, the study models agricultural sector's decision to engage in non-food biomass production as a function of transaction costs and production scale advantages.

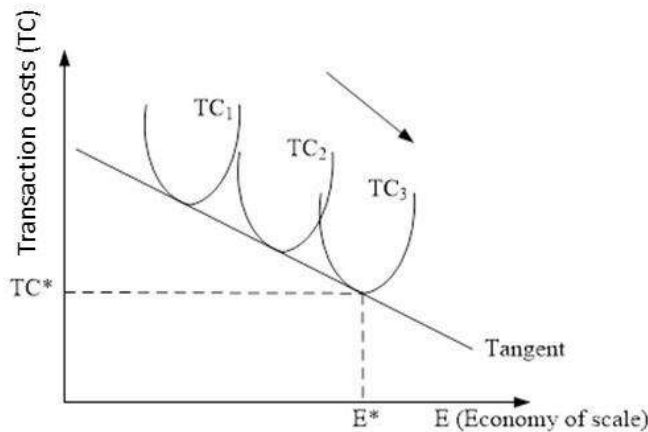


Figure 2: Optimization problem of non-food biomass producers

The preliminary results calculated for four scenarios of non-food biomass production suggest that only under rather unrealistic conditions of a significant technological advance (exemplified by neutral-to scale technologies) and decreasing transaction costs, a higher demand for non-food biomass may open business opportunities for new and smaller farms.

The paper of the doctoral thesis by Brian Beadle explores the potential of biotechnological innovations for social conflicts (decoupling) along the long economic cycle, known as the Long or Kondratieff wave. It addresses the explanatory power of different theoretical frameworks with regards to the innovation-decoupling nexus. By analyzing the patterns of previous waves, the review concludes by discussing how sustainability strategies such as the European Green Deal could affect the bioeconomy and the outcome of the upcoming sixth wave.

Table1: Identified theoretical frameworks in the innovation-decoupling nexus

Type of (de)coupling:		Inequality	Conflict	Unemployment	Recoupling	
Phase of the wave:		Trough into early upswing	Late upswing	Peak into early downswing	Late downswing	6th wave
Innovation type(s):		Basic, radical	Incremental	Incremental	Social	Basic, radical
Theoretical framework	Economic	M		s	s	s
	Political economy	s	M	s	s	s
	Institutional	s	s	M	s	s
	Sociology		s		M	s
	Future studies					M
	Environmental					s
	Labor studies		s	s		

Key: M = Main argument
S = Secondary argument

IV. Publications and presentations

Publications:

Chatalova, L (forthcoming) Resource sufficiency in a sustainable bioeconomy: A predator-prey perspective, in: IWE Bonn (ed.): *Bioeconomy*, Routledge (Environment and Sustainability Section).

Chatalova L and Wolz A (2019a) Globale Entwicklungen, regionale Förderprogramme und zivilgesellschaftliches Engagement, in: Nell W, Weiland M (Hrsg.): *Dorf: Ein interdisziplinäres Handbuch*: 227-234.

Chatalova L and Wolz A (2019b) Die Probleme der Anderen: Sind Landwirte für den ländlichen Raum zuständig? *Berichte über Landwirtschaft*, 97 (2): 1-29.

Oral presentations:

Wen L (2019) Farmland (de)concentration in the bioeconomy: The case of Eastern Germany, the Land governance Conference LANDac, Utrecht, The Netherlands.

Wen L (2019) Structural implications of increasing demand for non-food biomass in German agriculture: A transaction cost approach the graduate school 'Global Environmental Governance Today – Actors, Institutions, Complexity', Lund, Sweden.

Beadle B (2019) Decoupling in an innovation-driven bioeconomy: A long wave perspective, the Early-Career Researcher Seminar on (New) Sustainable Economies, Freiburg, Germany.

Lehre

Der WissenschaftsCampus Halle hat es sich zum Ziel gemacht, die Lehre und Ausbildung von Studierenden und Doktorand*innen auf dem Gebiet der pflanzenbasierten Bioökonomie zu stärken. An der Martin-Luther-Universität (MLU) gibt es die Möglichkeit mit den Bachelor- bzw. Masterstudiengängen Agrarwissenschaften, Management natürlicher Ressourcen, Nutzpflanzenwissenschaften, *Pharmaceutical Biotechnology* sowie *Pharmaceutical and Industrial Biotechnology* sich bereits während des Grundstudiums dem Thema Bioökonomie zu nähern. Weiterhin ist im Master-Modul „Nachwachsende Rohstoffe“ der WCH für eine Vorlesung zu Bioökonomie sowie eine entsprechende Exkursion involviert.

Des Weiteren gibt es 25 gemeinsame Berufungen sowie sechs außerplanmäßige Professuren und ein Research Fellowship zwischen der MLU und den ansässigen Leibniz-Instituten, dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung und dem Julius Kühn-Institut Quedlinburg. Diese sehr hohe Anzahl ermöglicht es in besonderer Weise die universitäre und außeruniversitäre Forschung und Lehre zur Bioökonomie zu vernetzen. Davon profitieren die Studierenden durch international renommierte Forscherpersönlichkeiten als Dozent*innen und die Möglichkeit ihre Abschlussarbeit an einer der anerkannten außeruniversitären Forschungseinrichtungen zu schreiben.

Joint appointments

Joint appointments with	Incumbent	Professorship at the MLU for
Faculty of Natural Sciences I		
IPB	Prof. Dr. Steffen Abel	Plant Biochemistry and Biotechnology
	Prof. Tina Romeis	Stress and Developmental Biology
	Prof. Alain Tissier	Cell and Metabolic Biology
IPK	Prof. Thomas Altmann	Molecular Plant Genetics
	Prof. Nicolaus von Wirén	Molecular Physiology and Cell Biology
UFZ	Prof. Dr. Bruno Bühler	Applied Biocatalysis
	Prof. Dr. Stanley Harpole	Physiological Diversity
	Prof. Dr. Tiffany Knight	Spatial Interaction Ecology
	Prof. Dr. Ingolf Kühn	Macroecology
Faculty of Natural Sciences II		
IPB	Junior-Prof. Dr. Martin Weissenborn	Bioorganic Chemistry
	Prof. Dr. Ludger Wessjohann	Natural Product Chemistry
UFZ	Prof. Dr. Kai-Uwe Goss	Analytical chemistry of environmental processes
Faculty of Natural Sciences III		
IAMO	Prof. Dr. Alfons Balmann	Structural Development of Farms and Rural Areas
	Prof. Dr. Thomas Glaubén	Markets in Agriculture and the Food Economy and International Trade
	Prof. Dr. Thomas Herzfeld	Policies and institutions in the agricultural sector
IPK	Prof. Dr. Andreas Graner	Plant Genetic Resources

	Prof. Dr. Jochen C. Reif	Cytogenetics and Genome Analysis
	Jun.-Prof. Dr. Hua Jiang	Applied Chromosome Biology
UFZ	Prof. Dr. Ralf Merz	Catchment Hydrology
	Prof. Dr. Ralf Seppelt	Applied Landscape Ecology
	Prof. Dr. Hans-Jörg Vogel	Soil physics
Faculty of Law and Economic Sciences		
IWH	Prof. Dr. Oliver Holtemöller	Macroeconomics
	Junior-Prof. Boreum Kwak	Macroeconometrics
	Jun.-Prof. Dr. Xiang Li	Economics
	Jun.-Prof. Dr. Lena Tonzer	The Political Economy of the European Banking Union
UFZ	Prof. Dr. Bernd Hansjürgens	Environmental economics

Supernumerary Professorship

Employed at	Incumbent	Research area
Faculty of Natural Sciences I		
UFZ	Prof. Dr. Josef Settele	Conservation Biology
Faculty of Natural Sciences III		
IAMO	Prof. Dr. Heinrich Hockmann	Agricultural Markets
	Prof. Dr. Martin Petrick	Agrarian Economy
Faculty of Law and Economic Sciences		
IWH	Prof. Dr. Martin T.W. Rosenfeld	Urban Economics
IAMO	Prof. Dr. Michael Kopsidis	Economic and social history
	PD Dr. Vladislav Valentinov	Cooperative Research

Research fellow

Faculty of Law and Economic Sciences		
IWH	appointment procedure for professorships starting soon (succession of Prof. Kriwoluzky)	Monetary Macroeconomics

In der Lehre verankert – eine Exkursion sowie eine Vorlesung im Modul „Nachwachsende Rohstoffe“ bringen Studierenden die Bioökonomie näher

Automatische Phänotypisierungen, eine Fülle an Samen in der Gendatenbank und die brandneue Pflanzenkulturhalle - Studierende des Master-Moduls "Nachwachsende Rohstoffe" an der MLU, verantwortet durch Dr. Jan Rücknagel, konnten bei einer durch den WCH veranstalteten Exkursion am Freitag dem 22. November 2019, hautnah Einblick in die Infrastruktur und Forschung des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenzüchtung (IPK) erhalten. Nach einer kurzen Einführung in die Tätigkeit des IPK durch Dr. Jens Freitag, Verantwortliche für den Bereich Öffentlichkeitsarbeit des IPK, standen zwei Forschende Rede und Antwort und führten die Gruppe über das Gelände und in die einzelnen Forschungsabteilungen.

Zunächst wies Dr. Andreas Börner, Mitarbeiter für Ressourcengenetik und Reproduktion, in die Gendatenbank ein, welche die Vielfalt an Nutzpflanzen widerspiegelt. Sammlungen von Zehntausenden von Pflanzensamen werden hier bei -18°C dauerhaft gelagert und regelmäßig auf ihre Keimfähigkeit überprüft – alle 50 Jahre dürfte dabei ein Mitarbeiter dieselbe Samenart testen. Regelmäßiges Ausbringen auf das Feld wird nötig, um neue Samen zu ziehen – schließlich werden für die Forschung des IPK oder anderer Forschungseinrichtungen weltweit beständig Proben gebraucht, die vom IPK zur Verfügung gestellt werden. Pflanzen wie die Kartoffel hingegen, die sich vegetativ fortpflanzen, wachsen bei konstanten Temperaturen knapp über dem Gefrierpunkt und werden dauerhaft angezogen, um die Population zu erhalten. Umfangreiche Herbarien ergänzen die Sammlung.

Anschließend führte Dr. Astrid Junker, Leiterin der Gruppe *Acclimation Dynamics and Phenotyping*, durch die Phänotypisierungsanlage. Auf hydraulischen Förderbändern werden die Pflanzen bewegt, fotografiert und die Phänotypisierungsdaten gleich erhoben. Für besondere Begeisterung sorgte ein Blick in die neue Pflanzenkulturhalle, in der unter möglichst feldnahen Bedingungen die Versuchspflanzen Wind und Licht ausgesetzt werden.

Die Exkursion ließ einen bleibenden Eindruck zurück, der sicher den einen oder anderen Studierenden dazu motivierte, sich näher mit der Forschung am Wissenschaftscampus und speziell am IPK auseinanderzusetzen.

Weiterhin bot eine thematische und prüfungsrelevante Vorlesung, ebenfalls im Modul „Nachwachsende Rohstoffe“ an der MLU, durch den WCH am 29. November 2019 Gelegenheit, sich mit dem breiten Spannungsfeld einer Bioökonomie zwischen Naturwissenschaft und Kommerz auseinanderzusetzen.



Binärcode und Basenpaare: WissenschaftsCampus Halle und Bioinformatik der Martin-Luther-Universität machen sich für Lehre stark

Als die Schüler*innen der Aktiven Naturschule Templin am 22. Januar 2020 den WissenschaftsCampus Halle besuchten, erwarteten sie ein umfangreiches Tagesprogramm. Gemeinsam mit Prof. Dr. Ivo Große von der Arbeitsgruppe Bioinformatik gelang es den zwölf Abiturient*innen einen intensiven und interessanten Einblick in die Welt des Binärcodes und der Basenpaare zu geben.

„In der Schule lernt man fast nur die einzelnen für sich abgeschlossenen Fächereinheiten wie Mathe, Informatik und Biologie kennen. Dass in den Schnittstellen zwischen diesen Fächern aus wissenschaftlicher Sicht die Post abgeht, dafür muss unbedingt das Bewusstsein von Lehrer*innen und Schüler*innen geweckt werden“, so Prof. Dr. Ivo Große. Es sei für eine zukunftsfähige Pflanzenforschung wichtig, genau diese Verbindungen und Studienmöglichkeiten und Berufsperspektiven aufzuzeigen. Gemeinsam mit Doktorand Alexander Gabel lernten die Schüler*innen, wie das Erbgut puzzelartig mit modernen Computeralgorithmen entschlüsselt werden kann. Mehrere Millionen Schnipsel aus DNA-Buchstaben können so in der richtigen Reihenfolge zusammengesetzt werden, bis sie sinnvolle „Wörter“ und „Sätze“, also Gene ergeben. Durch diese sogenannte Sequenzierung erhält man wertvolle Informationen über die Pflanze, die man dringend benötigt, um ertragreiche und trockenresistente Pflanzen zu züchten. Da hierbei riesige Datenmengen produziert werden, durfte eine Besichtigung des High-Performance-Computing-Clusters, dem sogenannten *SuperComputer* der MLU, nicht fehlen. Darüber hinaus erhielten die Schüler*innen eine Einführung in die Themenfelder rund um die pflanzenbasierte Bioökonomie sowie eine Führung durch die Gewächshäuser und Phytokammer des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie durch Sylvia Pieplow. Neugierig stellten die Schüler*innen viele Fragen vor allem zu zukunftsrelevanten Themen wie nachhaltigem Wirtschaften, Produzieren und Konsumieren.

Die Veranstaltung mit der Schulklasse fand im Rahmen der „Kleinen Fächer-Woche“ statt. Ein Programm der Hochschulrektorenkonferenz (HRK) und des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF), welches das Bewusstsein für die sogenannten Kleinen Fächer an den deutschen Universitäten stärken soll. Die Initiative ist ein Verbundprojekt der WCH-Mitglieder MLU, dem Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung und dem Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien sowie dem Deutschen Zentrum für integrative Biodiversitätsforschung Halle-Jena-Leipzig.



Karrierewirksame Weiterbildung: WCH-Winterschool for Postdocs

Vom 2. zum 6. März 2020 veranstaltete der WissenschaftsCampus Halle erneut eine Winter-Schule. Die Kursauswahl stieß auf reges Interesse bei der auf Postdoktorand*innen fokussierten Zielgruppe. Bei den sechs angebotenen Workshops ging es in erster Linie, um eine karrierewirksame Weiterbildung für die mehr als 15 Teilnehmenden. So sollten diese befähigt und ermutigt werden, den nächsten, notwendigen Schritt in ihren Berufsleben zu gehen. Dafür erhielten sie unter anderem Bewerbungstraining und nützliche Tipps für die Netzwerkarbeit. Die Kurse wurden von externen Expert*innen gehalten.



Plattform

Neben der umfangreichen Beschäftigung mit Forschung und Lehre versteht sich der WissenschaftsCampus Halle auch als Plattform. Das bedeutet, dass er die verschiedenen Akteure aus Zivilgesellschaft, Politik, Wissenschaft und Wirtschaft zusammenbringt, den Dialog unterstützt, mögliche Zielkonflikte moderiert und allgemein den Wissenstransfer und eine ausgeglichene Wissenschaftskommunikation anregt. Dabei geht es nicht nur um die allgemeine Sensibilisierung und Information zu den Themen biobasierte Wirtschaft, bioökonomische Produkte und Forschung, sondern auch um den wissenschaftlichen Austausch zu speziellen Projekten und Aspekten der Bioökonomie. Verschiedene Medien, analog wie digital, sowie zahlreiche Veranstaltungsformate und inter- und transdisziplinäre Projekte mit anderen Einrichtungen und Kommunikatoren erweisen sich als wegweisend für die Arbeit des Forschungsverbundes. Denn ohne gute Kommunikation können Projekte nicht erfolgreich sein, und gute Kommunikation ist keine "Einbahnstraße". Und sie ist zugleich der Erfolgsfaktor des WCH – denn von dem regen Austausch profitieren alle Beteiligten.

Demonstrationsplattform pflanzliche Genomeditierung

Projektleiter:

- Prof. Dr. Edgar Peiter, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- Prof. Dr. Ingo Pies, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
- Dr. Jochen Kumlehn, Leibniz Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

Mitarbeiter*innen: Stefan Hielscher, Gabi Waldhof, Dr. Santiago Alejandro Martinez

Projektlaufzeit: 06.2020 – 12.2022

Die Demonstrationsplattform pflanzliche Genomeditierung soll die Plattform- und Transferfunktion des WCH unterstützen, um Lösungsansätze zu entwickeln, welche dringende Fragen zur Etablierung von neuen pflanzlichen Produkten sowie zum Ausbau der vorhandenen pflanzlichen Produktion und Verwertung aufzeigen.

Das Ziel der WCH-Demonstrationsplattform ist es, zu demonstrieren, wie modernste molekularbiologische Methoden – darunter die CRISPR/Cas-Technologie – zum gesellschaftlichen Wohl eingesetzt werden können. Die Demonstrationsplattform soll den Akteuren der Bioökonomie am Beispiel von modifizierten Weizen und Gersten-Genotypen die Chancen und Risiken der Genomeditierung aufzeigen. Damit zielt der WCH darauf ab, Wissenschaftler*innen und Nicht-Wissenschaftler*innen zu befähigen, sich eine faktenbasierte Meinung zum Thema pflanzliche Genomeditierung im Dienst der nachhaltigen pflanzlichen Erzeugung zu bilden.

Zusätzlich soll die Demonstrationsplattform die Sichtbarkeit des WCH im Bereich der Genomeditierung erhöhen und den WCH als kompetenter Anwender der CRISPR/Cas Technologie auf nationaler und internationaler Ebene positionieren.

Die Demonstrationsplattform pflanzliche Genomeditierung wird von Wissenschaftler*innen der Mitgliedsinstitute des WCH betreut und von der wissenschaftlichen Koordinatorin des WCH, Dr. Anne-Laure Tissier, koordiniert.

Mit der Herausforderung kommt die Chance: Die 8. International Bioeconomy Conference in Halle

Der Saal in der Leopoldina ist dicht besetzt, vereinzelt stehen Besucher im hinteren Bereich. Aber niemand möchte sich die Grußworte zur Eröffnung der 8. *International Bioeconomy Conference* entgehen lassen. Während Frau Prof. Dr. Schnitzer-Ungefug, Generalsekretärin der gastgebenden Leopoldina – Nationale Akademie der Wissenschaften, auf die globalen Herausforderungen wie Klimawandel verweist, hebt Dr. Ude, Staatssekretär des Ministeriums für Wissenschaft, Wirtschaft und Digitalisierung die Bedeutung einer funktionierenden Wissenschafts-Infrastruktur und die Förderung der regionalen mittelständischen Wirtschaft in hervor.

„*There are many opportunities to every challenge*“, so Andrea Noske, Referatsleiterin des Referats nachhaltiges Wirtschaften; Bioökonomie des Bundesministeriums für Bildung und Forschung, und erntet dafür viel Applaus. „*The future is shaped by all of us*“.

Am 13. und 14. Mai 2019 fand in der Leopoldina, der Nationalen Akademie der Wissenschaften in Halle (Saale) die 8. *International Bioeconomy Conference* statt. Unter dem Motto „Bio meets Economy – Science meets Industry“ luden der WissenschaftsCampus Halle und das BioEconomy Cluster Mitteldeutschland zum Austausch über neueste Forschungsergebnisse, Innovationen und aktuelle bioökonomische Entwicklungen an den Märkten ein. Mit mehr als 200 Anmeldungen aus über 15 Ländern ist die Veranstaltung ausgebucht. Die Partnerregion der diesjährigen Konferenz war Südamerika – das mit mehr als 20 Teilnehmer*innen und Sprecher*innen u.a. aus Brasilien, Chile, Kolumbien und Costa Rica vertreten war, um die jeweiligen Bioökonomie-Strategien und Forschungsschwerpunkte vor- sowie zur Diskussion zu stellen.

Das Datum der 9. *International Bioeconomy Conference* steht bereits fest – am 09. und 10. Juni 2021 erwartet Halle wieder zahlreiche Gäste zum fachlichen Austausch rund um das Thema Bioökonomie



Empfang am WCH: Informationsreise Usbekischer Nachwuchswissenschaftler*innen

Am 14. Oktober 2019 hat der WCH eine usbekische Delegation bestehend aus 13 Nachwuchswissenschaftler*innen und Politiker*innen auf Initiative des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) empfangen. Die Delegation befand sich auf einer zweiwöchigen Informationsreise für usbekische Nachwuchswissenschaftler*innen in Deutschland.

Die Nachwuchswissenschaftler*innen, die in Usbekistan in einem Wettbewerbsverfahren ausgewählt wurden, erwartet ein volles Programm. In Berlin und fünf weiteren Städten besuchen die Wissenschaftler*innen Einrichtungen an Universitäten, Fachhochschulen und Forschungszentren. Das Themenspektrum reicht vom Technologie- und Innovationsmanagement über Verkehr, Bioökonomie und Geographie bis hin zu konkreten Beispielen erfolgreicher Zusammenarbeit zwischen Deutschland und Zentralasien.

Am WissenschaftCampus Halle erhielten Sie einen detaillierten Einblick in die Arbeit des WCH. Darüber hinaus wurden ihnen die Maßnahmen und Instrumente des hiesigen Gründerservices vorgestellt. Danach folgt ein Input des erfolgreichen Start-Ups denkWEIT GmbH sowie ein inspirierender Methoden-Workshop zu „Creative Ideation“ mit auf den Weg gegeben. Nach einer Führung durch die Phytokammer und Gewächshäuser des Leibniz-Instituts für Pflanzenbiochemie besuchten die Teilnehmenden noch das Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomie.

Ziel des Aufenthaltes war es, dass sich die Teilnehmenden einen Überblick über die deutsche universitäre und außeruniversitäre Forschungs- und Innovationslandschaft verschaffen und Kontakte anbahnen. Hintergrund ist die Intensivierung der Kontakte im Innovations- und Forschungsbereich zwischen Deutschland und Usbekistan, die im kommenden Jahr in einer gemeinsamen Förderbekanntmachung für Forschungs- und Entwicklungsprojekte münden soll. Im Anschluss an die Reise präsentierten die Teilnehmenden ihre Erkenntnisse im Rahmen der größten Innovationsmesse des Landes „InnoWeek“.



Mit Bioökonomie die Welt ernähren?

Vom 17. bis 26. Januar 2020 fand in Berlin die alljährliche Internationale Grüne Woche statt. Die Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (MLU) präsentierte sich in der Sachsen-Anhalt Halle am Gemeinschaftsstand der Wissenschaft mit dem Kompetenzcluster für Ernährung und kardiovaskuläre Gesundheit (NutriCARD) und dem WissenschaftsCampus Halle – Pflanzenbasierte Bioökonomie (WCH). Im Zentrum der allgemeinen Diskussionen auf der Grünen Woche standen in diesem Jahr besonders die Herausforderungen des Klimawandels für die Land- und Ernährungswirtschaft sowie Lösungsansätze für nachhaltige, ressourcenschonende und umweltfreundliche Produktionsverfahren. Hier konnte der WCH einen wichtigen Impuls geben, indem er als Teillösungsansatz die Erhöhung der Biodiversität auf dem Acker vorstellte. Mittels moderner Züchtungsverfahren lässt sich die Vielfalt der Kulturpflanzen durch das Einkreuzen ursprünglicher Vorfahren unserer Kulturarten steigern. So wurden durch Kreuzungen einer Kulturgerstensorte mit 25 diversen Wildgersten an der MLU besonders tolerante Gerstenlinien (HEB-25) entwickelt, die sich durch eine hohe Ertragsstabilität bei abiotischen Stressfaktoren wie Trockenheit und Hitze auszeichnen. Dementsprechend konnten verschiedenartige Gerstenähren, u.a. eine schwarzfarbige, von den zahlreichen Interessierten begutachtet werden. Und auch eine Kostprobe durfte natürlich auf der Ernährungsmesse nicht fehlen. Die rotgefärbten Heidesandkekse des WissenschaftsCampus Halle waren aus anthocyanhaltigem Weizen gebacken, dem sogenannten Purpurweizen. Eine alte Getreidesorte, die natürlicherweise den roten Pflanzenfarbstoff Anthocyan enthält, der als gesundheitsfördernd gilt. Insgesamt kann die IGW jedes Jahr rund 1.750 Aussteller aus 61 Ländern und 400.000 Messe- und Kongressbesucher*innen aus 75 Ländern verzeichnen.



SALON Global Agriculture: Mit der Bedeutung der Bioökonomie wächst auch die Relevanz der Pflanzenforschung

130 Teilnehmer*innen aus Wissenschaft, Politik, Wirtschaft und Gesellschaft haben am 5. März 2020 beim „*SALON Global Agriculture*“ über die Rolle der Pflanzenforschung in der Bioökonomie diskutiert. Veranstaltungsort war die Botschaft des Königreiches der Niederlande.

Unter den zahlreichen Referent*innen unterstrich Andrea Noske, Referatsleiterin für Nachhaltiges Wirtschaften und Bioökonomie im Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), die Bedeutung der Pflanzenwissenschaften für die Bioökonomie. Darüber hinaus erklärte Sascha Bollerman vom niederländischen Ministerium für Landwirtschaft, Natur und Lebensmittelqualität, dass sein Land Vorreiter auf dem Gebiet der Kreislaufwirtschaft werden will. Anschließend ging der Sozioökonom Dr. Frans Hermans vom Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien und Vertreter des WCH auf die Zielkonflikte ein, die zum Beispiel durch konkurrierende Landnutzung entstehen. Daher sei es wichtig, die großen Fragen nicht nur fachlich, sondern auch inter- und transdisziplinär zu betrachten. In einem Science Slam zeigte Martin Becker, Postdoktorand am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, dass Wissenschaftskommunikation komplexe Themen durch spannende Formate vermitteln kann. Auf humorvolle Art sprach Becker über die Unterschiede zwischen konventioneller Züchtung und den neuen Züchtungsmethoden der Genom-Editierung. Zum Abschluss diskutierten Rosalina Babourkova (Futurium), Kees de Vries (CDU, MdB), Jon Falk (Saaten-Union Biotec) und Jens Freitag, (Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung) zum Thema „Was darf’s sein: Feed, Food, Fuel, Fiber? – Forschung für eine pflanzenbasierte Bioökonomie“. Dabei wurde insbesondere über die Sensibilisierung der Politik für das strategisch wichtige Feld der Pflanzenforschung diskutiert. Pflanzenforschung sowie Wissenschaftskommunikation in viel breiterem Sinne müssten auch in Zukunft eine strategische Rolle spielen – auch damit die Vision der Bioökonomie Realität werden kann.

SALON Global Agriculture ist die Plattform für wissenschaftsbasierten Austausch der Genius GmbH - für Politik, Diplomatie, Wirtschaft, Wissenschaft, Medien und NGOs. Der WissenschaftsCampus Halle hat als Partner diese Veranstaltung unterstützt.

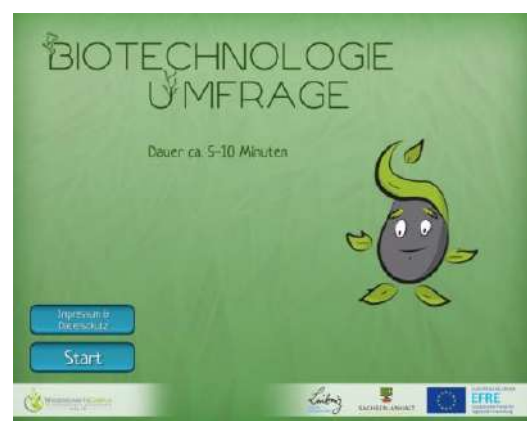


WissenschaftsCampus Halle an Bord der MS Wissenschaft

Die MS Wissenschaft startete am 30. Juli 2020 in Münster mit einer vielfältigen Ausstellung rund um das Thema Bioökonomie. Der WCH ist an Bord des Schiffes mit zwei Exponaten vertreten. Für die interessierten Besucher*innen gibt es zum einen ein Video über die Erforschung der Anpassung von Kulturpflanzen an veränderte Umwelteinflüsse und damit über die moderne Phänotypisierungsanlage des WCH-Mitgliedes Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben zu sehen. Und zum anderen kann sich bei einem weiteren Exponat des WCH spielerisch mit der Debatte um die grüne Gentechnik auseinandergesetzt werden. Die gesamte Ausstellung macht erlebbar, welche Lösungsansätze Forschung heute bereithält. Sie zeigt, wie neue Technologien und Verfahren dabei helfen können, Rohstoffe und Produkte in Zukunft nachhaltiger zu erzeugen, zu verarbeiten und zu verbrauchen. Auch politische und gesellschaftliche Fragen einer nachhaltigen Wirtschaftsweise, die sich vor allem im globalen Zusammenhang stellen, finden Platz in der Ausstellung. Bis zum 17. Oktober (Straubing) ist die MS Wissenschaft mit dem WCH an Bord unterwegs.

Die Jahre 2020 und 2021 wurden vom Bundesministerium für Bildung und Forschung zum Wissenschaftsjahr der Bioökonomie ernannt. Denn knapper werdende Ressourcen und Nutzflächen bei gleichzeitig wachsender Weltbevölkerung sind ebenso große und globale Herausforderungen wie der Klimawandel und der Rückgang der Artenvielfalt. Die Frage ist: Wie können wir nachhaltiger leben, Ressourcen schonen und gleichzeitig unseren Lebensstandard sichern? Eine Antwort könnte sein, dass wir uns umstellen: weg von einer auf fossilen Ressourcen basierenden Wirtschaftsform hin zu einer nachhaltigen, biobasierten Wirtschaftsweise – der Bioökonomie.

Die Wissenschaftsjahre sind eine Initiative des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gemeinsam mit Wissenschaft im Dialog (WiD). Sie tragen als zentrales Instrument der Wissenschaftskommunikation Forschung in die Öffentlichkeit und unterstützen den Dialog zwischen Forschung und Gesellschaft.



Leibniz Book A Scientist: Das Speeddating mit der Wissenschaft

Wer entscheidet, was ich online sagen darf? Wie schlau sind unsere Nutztiere? Und was macht das Altern mit dem Stoffwechsel? Bei "Book a Scientist" beantwortet Leibniz-Forschende am 18. August 2020 alle Fragen von Interessierten zu Themen, die das alltägliche Leben berühren.

Mit dabei bei der diesjährigen virtuellen Ausgabe dieses innovativen Dialogformats war auch die Leiterin der WCH-Nachwuchsgruppe *Economics and Institutions of the Bioeconomy* am Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Transformationsökonomien, Liudmila Chatalova. Sie beschäftigt die Frage „Ressourcen – Sollen und könnten wir unseren Konsum bewusst mäßigen?“



Impressum

WissenschaftsCampus Halle Pflanzenbasierte Bioökonomie (WCH)

Weinbergweg 22

06120 Halle (Saale)

Tel.: +40 345 55 22 682

Fax: +49 (0) 345-5527 260

info@sciencecampus-halle.de

www.sciencecampus-halle.de

Redaktion

Nadja Sonntag

Bildnachweise

Alle Abbildungen und Fotos mit freundlicher Genehmigung des WissenschaftsCampus Halle oder seiner Partner.