

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

Veröffentlichung der Ergebnisse von Forschungsvorhaben im BMBF-Programm

Biologische Innovation und Ökonomie

Forschungsvorhaben: GABI-FUTURE-Verbundvorhaben: 'Biomasseproduktion bei Mais: Genomik-basierte und System-orientierte Pflanzenzüchtung auf Energiemais (GABI-Energy) (Teilprojekt F)

Förderkennzeichen: 0315045F

Zuwendungsempfänger: Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Corrensstr. 3, 06466 Gatersleben

Projektleitung: Herr Prof. Dr. Altmann

Laufzeit: 01.04.2008 bis 31.03.2011

"Das diesem Bericht zugrundeliegende BMBF-Forschungsvorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 0315045F gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor".

Forschungsvorhaben Teilprojekt: 0315045F

Thema: Verbundprojekt GABI-ENERGY: Biomasseproduktion bei Mais: Genomik-basierte und System-orientierte Pflanzenzüchtung auf Energiemais

Schlussbericht zu Nr. 3.2

I.1. Aufgabenstellung

Im Verbundvorhaben GABI-ENERGY sollte Mais als Energiepflanze für die Produktion von Biogas unter den klimatischen Bedingungen Zentraleuropas entwickelt werden. Die Nutzung von Pflanzenbiomasse als alternative Energiequelle wird weltweit vorangetrieben, um die stetig wachsende Lücke zwischen steigendem Ölbedarf und begrenzten fossilen Brennstoffreserven zu schließen. Unter den Kulturpflanzen zeigt Mais als C4-Pflanze ein sehr gutes Potential für hohen Biomasseertrag, und er kann zudem durch anaerobe Gärung effizient in Biogas umgewandelt werden. Eine wirtschaftliche Bioenergieproduktion erfordert vor allem die Züchtung von Energiepflanzen mit deutlich erhöhter Biomasse.

Das Ziel des Verbundvorhabens GABI-ENERGY war die Entwicklung ertragreicher Energiemais-Linien. Dabei wurden zwei unterschiedliche Strategien verfolgt: (A) zum einen die genombasierte Züchtung von Maiselitelinien mit hohem Biomasseertrag, und (B) zum anderen eine systemorientierte Analyse zur Aufklärung der genetischen und metabolisch/physiologischen Grundlagen der Biomasseproduktion in Mais. Diese Analysen basierten auf Modellen und Strategien, die für die Analyse der Biomasseproduktion in *Arabidopsis thaliana* angewandt wurden und die im Rahmen des Projektes für die Kulturpflanze Mais weiterentwickelt werden sollten.

Die Optimierung des Wachstums und des Stoffwechsels von Mais zur Entwicklung ertragreicher Energiemaislinien erfordert Kenntnisse über die genetischen und physiologischen Faktoren, welche die Biomasseproduktion beeinflussen. Daher war das Teilprojekt B auf das Auffinden informativer genetischer Marker und Biomarker ausgerichtet, die die Züchtung auf eine höhere Biomasseakkumulation in Mais unterstützen. Dazu wurde eine weite Sammlung von Maislinien zusammengestellt, und Methoden zur detaillierten biochemischen und physiologischen Charakterisierung mittels Metabolit- und Enzymanalyse in Verbindung mit Genom-weiter Genotypisierung und nicht-invasiver Phänotypisierung entwickelt und angewandt. Mit Hilfe von Korrelations- und QTL-Analysen sollten relevante Merkmale für Biomasseproduktion in Energiemais und deren genetische Architektur bestimmt werden.

I.2. Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

Für die Durchführung des Vorhabens standen der ausführenden Stelle durch das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung die nötigen Labor- und Pflanzenkulturräume und -einrichtungen zur Verfügung. Vom Projektpartner 4 (Universität Hohenheim) wurde eine Kollektion von 289 Maisinzuchtlinien (286 Dent-Linien, 3 Flint-Linien) mit den dazugehörigen Testkreuzungen zweier unterschiedlicher Flint-Tester zur

Verfügung gestellt, Projektpartner 1 (KWS) lieferte zusätzlich drei aktuelle Energiemaislinien als Kontrollen.

I.3. Planung und Ablauf des Vorhabens

Der Ablauf des Vorhabens wurde dahingehend geändert, dass in Teilprojekt F die Phänotypisierung in einem optimierten Versuchsdesign auf 92 Inzuchtlinien mit den Testkreuzungen von nur einem Tester beschränkt wurde, nachdem in einer ersten Analyse die gesamte Population an Inzuchtlinien gemeinsam mit beiden Testkreuzungsserien untersucht wurde und die gewonnenen Daten für die weitere Versuchsplanung genutzt wurden (insbesondere für die Auswahl der weiter intensiv charakterisierten 92 Inzuchtlinien und der Testkreuzungsserie). Des Weiteren wurde für eine umfassendere Genotypisierung der MaisSNP50-Array (Illumina) mit 56.000 SNP-Markern verwendet. Nach neueren Erkenntnissen haben Kopienzahlvariationen (CNV) im Maisgenom eine wichtige Bedeutung für die Merkmalsbestimmung. Daher wurde die Bestimmung von Kopiezahlvvariation als eine wichtige und zur SNP-Typisierung komplementäre Komponente der genotypischen Charakterisierung von Maislinien in den Projektplan mit aufgenommen. Im Folgenden sind die Arbeiten des Verbundprojektes dargestellt, zu denen im Rahmen des Teilprojektes F beigetragen wurde.

1. Genotypisierung der 289 Inzuchtlinien mit dem MaisSNP50-Array.
2. Phänotypisierung von 92 Inzuchtlinien und deren Testkreuzungen von einem Tester im Gewächshaus
3. Transkriptanalysen mittels Hybridisierungen auf dem Affymetrix 18 K Maize Genome Array und dem 46 K NSF Array
4. Quantitative Real Time-PCR mit ausgesuchten Kandidatengen
5. GC-MS Analysen zur unvoreingenommenen Bestimmung der Metabolitgehalte
6. Bestimmung von Kopienzahlvariationen über ‚comparative genome hybridisation‘ (CGH) mittels NimbleGen 2.1M Array
7. Ausführung von Assoziationstests unter Verwendung der erhaltenen genetischen, metabolischen und phänotypischen Daten

I.4. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Zu Beginn des Projektes wurden Pflanzen mehr und mehr für die Herstellung von Biokraftstoffen eingesetzt. Damals waren hauptsächlich Biodiesel (Raps) und Bioethanol (Zuckerrübe und Mais) erhältlich, die kostengünstig fossile Kraftstoffe ersetzen können (1). Für beide Kraftstoffarten waren weitere optimierte Herstellungsverfahren notwendig, bei denen nicht nur Teile der Pflanze, sondern die gesamte Pflanze umgewandelt werden kann. Die Biomasseverflüssigung („Biomass to Liquid“ Kraftstoff) war eine alternative Methode zur Herstellung von Biokraftstoffen, deren Technologie aber noch in den Anfängen steckte (2). Letztlich kann Pflanzenbiomasse durch anaerobe Gärung in Biogas (Methan) umgewandelt werden (3). Die Technologien hierfür waren bereits ausgereift und zuverlässig, und konnten sehr flexibel an die Produktion und an das verwendete Material angepasst

werden (4). Für die Produktion von Biogas stellte Mais als Energiepflanze ein neues Züchtungsziel für dieses Getreide dar. Mais ist als C4-Pflanze mit hohen Erträgen sehr gut als Biomasseproduzent geeignet (5-8). Der ideale, optimal an die Klimabedingungen in Zentraleuropa angepasste Genotyp war zu Beginn des Projektes Grundlage der Forschung. Anforderungen an den neuen Energiemais waren/sind Kältetoleranz, eine optimale Ausnutzung der Sonnenenergie und ein verlängertes vegetatives Wachstum. QTL für Kältetoleranz in Mais waren identifiziert (9, 10), aber nicht kloniert. Studien von Reis und Arabidopsis über phototrophische Sensitivität waren nur teilweise auf Mais übertragbar (11, 12). In der vegetativen Wachstumsphase ist Biomasse die wesentliche Leistung, die der Metabolismus einer Pflanze in dieser Phase erbringen muss (13). In diesem Zusammenhang konnte auf neue systemorientierte Analysetechniken, wie Techniken zur Erstellung von Enzym- und Metabolitprofilen, zurückgegriffen werden (14, 15). Studien in Arabidopsis hatten gezeigt, dass eine bestimmte Kombination mehrerer Metabolite mit dem Pflanzenwachstum korreliert, und daraus konnten Biomarker abgeleitet werden (16). In neueren Zuchtprogrammen spielte die Marker-gestützte Selektion, beruhend auf Kopplungs- und Assoziierungskartierung eine zunehmende Rolle (17). Insbesondere die hoch auflösende Assoziierungskartierung zeigte sich gegenüber der klassischen Kopplungsanalyse für die Charakterisierung von Sequenzvariationen und die Assoziation mit einem bestimmten Merkmal für die QTL-Detektion von Vorteil (18).

Literatur: (1) Schubert C (2006). *Nat Biotechnol* 24: 777-784 (2) Ragauskas AJ, Williams CK, Davison BH, Britovsek G, Cairney J, Eckert CA, Frederick WJ, Jr., Hallett JP, Leak DJ, Liotta CL, Mielenz JR, Murphy R, Templer R & Tschaplinski T (2006). *Science* 311: 484-489 (3) Boone DR, Chynoweth DP, Ra M, Smith PH & Wilkie AC (1993). *Biomass & Bioenergy* 5: 191-202 (4) Weiland P (2003). *Appl Biochem Biotechnol* 109: 263-274 (5) Schmidt, W. 2003. Bericht über die 54. Tagung 2003 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs. BAL Gumpenstein, 25.-27. November 2003 (6) Schmidt, W. 2005. Vortrag. Wiss. Tagung des Dachverbands Agrarforschung (DAF) e.V. Braunschweig, 26. und 27.10.2005 (7) Monteith JL (1978). *Experimental Agriculture* 14: 1-5 (8) Brown RH (1999). In: *C4 Plant Biology*, Sage RF & Monson RK, eds. (San Diego: Academic Press), pp. 473-507 (9) Fracheboud Y, Ribaut JM, Vargas M, Messmer R & Stamp P (2002). *J Exp Bot* 53: 1967-1977 (10) Presterl T, Ouzunova M, Schmidt W, Möller EM, Röber FK, Knaak C, Ernst K, Westhoff P & Geiger HH (2007). *Theor Appl Genet* 114: 1059-1070 (11) Yano M, Kojima S, Takahashi Y, Lin H & Sasaki T (2001). *Plant Physiol* 127: 1425-1429 (12) Hayama R & Coupland G (2004). *Plant Physiol* 135: 677-684 (13) Tonsor SJ, Alonso-Blanco C & Koornneef M (2005). *Plant Cell & Environ* 28: 2-20 (14) Fiehn O, Kopka J, Dörmann P, Altmann T, Trethewey RN & Willmitzer L (2000). *Nat Biotechnol* 18: 1157-1161 (15) Gibon Y, Blaesing OE, Hannemann J, Carillo P, Hohne M, Hendriks JHM, Palacios N, Cross J, Selbig J & Stitt M (2004). *Plant Cell* 16: 3304-332 (16) Gärtner T, Steinfath M, Andorf S, Lisec J, Meyer RC, Altmann T, Willmitzer L, and Selbig J (2009) *PLoS ONE* 4, e5220 (17) Yousef GG & Juvik JA (2001). *Crop Science* 41: 645-655 (18) Flint-Garcia SA, Thornsberry JM & Buckler ES (2003). *Annu Rev Plant Biol* 54: 357-374

I.5. Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Das Projektvorhaben wurde in enger Zusammenarbeit mit den anderen beteiligten Partnern im Verbundprojekt GABI-ENERGY durchgeführt. In regelmäßigen Intervallen fanden Projekttreffen statt, mindestens einmal pro Jahr am Standort eines Partners sowie am Rande der GABI-Statusseminare. Bei diesen Treffen wurde der Projektfortschritt besprochen, weiterführende Arbeiten geplant und Interaktionen mit anderen Partnern innerhalb und außerhalb des GABI-Programms diskutiert. Auf diese Weise konnten alle erforderlichen Informationen zwischen den Partnern ausgetauscht werden. Zusätzliche Treffen erfolgten in Bezug auf den Austausch von Methoden zum Association Mapping in Mais mit der Universität Hohenheim (Partner 4)

II.1. Verwendung der Zuwendung und des erzielten Ergebnisses im Einzelnen

Auf genetischer und metabolischer Ebene wurde nach Markern und Biomarkern gesucht, die mit der Biomasseproduktion in Mais assoziiert sind.

Als Grundlage für genomweite Assoziationstests wurde die gesamte Kollektion von 289 Inzuchtlinien mit dem MaisSNP50 Array für 56.000 SNP-Marker genotypisiert.

Nachdem in einem ersten Versuchsansatz alle Inzuchtlinien der Kollektion mit jeweils beiden Testkreuzungen im Gewächshaus kultiviert wurden und das Wachstum der Individuen beobachtet und ihre Biomassen bestimmt wurden, erfolgt eine Auswahl von 92 Inzuchtlinien, die die Variationsbreite der Gesamtpopulation abdeckte. Für die detaillierte Phänotypisierung wurden die 92 ausgewählten Inzuchtlinien mit den Testkreuzungen von einem Tester in drei wiederholten Experimenten für 22 Tagen im Gewächshaus kultiviert. Es wurde an fünf verschiedenen Zeitpunkten die Pflanzenhöhe bestimmt und am Ende der Kultivierungsdauer das Sprossgewicht ermittelt. Für

Metabolit- und Genexpressionsanalysen wurden Blattproben genommen. Mittels eines linearen Mixed Models wurden die Mittelwerte der Sprossfrisch- und trockengewichte und der Längenzuwachs der Genotypen berechnet. Hier zeigt sich ein breites Spektrum an Wachstums- und Gewichtseigenschaften innerhalb der Inzuchtlinien und der Testkreuzungen. Die höchste Heritabilität (H^2) von 91% wurde für Pflanzenhöhe in den Inzuchtlinien berechnet (Tabelle 1).

Tabelle 1: Broad Sense Heritability H^2 nach (Falconer & Mackay 1996)

Gruppe	Merkmal	Signifikanz von GxE	H^2_m
Inzuchtlinien	Sprosstrockengewicht (g)	*	0.827
	Sprossfrischgewicht (g)	**	0.815
11_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	*	0.877
14_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	*	0.868
16_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	**	0.886
18_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	**	0.907
21_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	***	0.910
Testkreuzungen	Sprosstrockengewicht (g)	n.s	0.624
	Sprossfrischgewicht (g)	n.s	0.678
11_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	n.s	0.831
14_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	n.s	0.766

16_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	n.s	0.834
18_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	n.s	0.840
21_DAS	Pflanzenhöhe (cm)	n.s	0.832

Für das komplexe, multifaktorielle Merkmal Biomasse konnten in strukturierten genomweiten Assoziationstests keine signifikant assoziierten SNP-Marker identifiziert werden.

Für die Transkriptomanalysen wurden zwei verschiedenen Microarrayformate verwendet, der 46 K NSF Array und der Affymetrix 18 K Maize Genome Array. Der 46 K NSF Microarray ist ein Zwei-Farben-Array, auf dem zwei Genotypen direkt miteinander verglichen werden können. Über die Breite des Gewichtsspektrums wurden Genotypen ausgewählt und zu Paaren zusammengestellt, die extremen Unterschiede bis hin zu nahezu gleicher Verteilung in der Biomasseproduktion aufweisen. Putative, mit Biomasse assoziierte Kandidatengene wurden über eine Korrelation der Verhältnisse der Signalintensitäten des Microarrays mit den Verhältnissen in der Biomasse ausgewählt. Für diese ausgewählten Gene wurde ihre Expression mittels qRT-PCR in allen 92 Inzuchtlinien bestimmt. Obwohl die Kandidatengene deutliche Expressionsunterschiede innerhalb der 92 Genotypen aufweisen, konnte für keines der untersuchten Gene eine signifikante Korrelation ihrer Expression mit der Pflanzenbiomasse bestätigt werden.

Weitere Genexpressionsanalysen mit dem Affymetrix 18 K Maize Genome Array zeigen deutliche Unterschiede im Expressionsmuster von einzelnen Genen zwischen den Inzuchtlinien und den Testkreuzungen. Hier sind weiterführende Analysen angebracht.

Dem MPI-MP wurde homogenisiertes Pflanzenmaterial für GC-MS-Analysen bereitgestellt. Die erhobenen Daten wurden in Teilprojekt F aufgearbeitet und normalisiert. Die erhaltenen Spektren umfassten 102 bekannte und 303 unbekannte detektierte Metabolite. Korrelationsanalysen deuten auf Biomasse korrelierte Metabolite hin. Für das Frischgewicht und das Trockengewicht wurden 51 bzw. 43 Metabolite gefunden, von denen 26 Metabolite sowohl mit Frischgewicht, als auch mit Trockengewicht korrelieren. In genomweiten strukturierten Assoziationstests wurden 121 mit dem Genotyp assoziierte Metabolite identifiziert. Von den 121 Metaboliten sind 8 Metabolite (2 bekannte und 6 unbekannte) ebenfalls mit Trockengewicht korreliert.

Für eine umfassende systematische genomweite Untersuchung der Kopienzahlvariation über comparative genomic hybridization (CGH) wurde ein Subset an 34 verschiedenen Maisinzuchtlinien mit einem breiten Spektrum an Biomasse und Heterosis zusammengestellt. Die Analyse zeigte in den Genotypen sowohl eine Vielzahl von genomischen Strukturunterschieden, als auch hoch konservierte Regionen mit wenig/keinen Strukturänderungen. Die strukturellen Unterschiede waren über alle Chromosomen verteilt, selbst Centromerregionen waren betroffen. Diese Daten stellen eine wertvolle Grundlage für einen neuartigen Ansatz von Assoziationsstudien (Kopiezahlvariation – Merkmal) dar, der in weiterführenden Arbeiten genutzt werden kann.

II.2. Die wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

- 289 Maisinzuchtlinien wurden detailliert mit dem maizeSNP50 Array (Illumina) für 56.000 SNP-Marker genotypisiert

- Nach Vorversuchen zur Charakterisierung der gesamten o.g. Inzuchtlinienkollektion und zwei Testkreuzungen je Linien, wurden 92 ausgewählte Inzuchtlinien, sowie deren Testkreuzungen mit einem Tester detailliert auf ihr Wachstum hin untersucht (3 Versuche mit je 4 biologischen Replikaten, 2400 Pflanzen insgesamt). Dabei wurde die Pflanzenhöhe an fünf verschiedenen Tagen gemessen und am Ende der Versuchsdauer das Frisch- und Trockengewicht des Sprosses bestimmt.
- Von den 92 genotypisierten und phänotypisierten Inzuchtlinien wurden GC-MS basierte Metabolitprofile erstellt (3 biologische Replikate). 26 von 405 Metaboliten korrelieren paarweise sowohl mit Frischgewicht, als auch mit Trockengewicht.
- Von 14 Inzuchtlinien und 7 Testkreuzungen (mit jeweils zwei biologischen Replikaten) wurden die Expressionsprofile mit dem 46 K NSF Array untersucht. Mittels Auswertung dieser Daten wurden 25 putative Kandidatengene für die quantitative Real-Time PCR ausgewählt. Nach Vortests wurde die Expression von 8 Kandidatengenen in den 92 genotypisierten und phänotypisierten Inzuchtlinien (3 biologische Replikate) überprüft. Keiner der Kandidaten weist ein mit Biomasse korreliertes Expressionsmuster auf.
- Von 18 Inzuchtlinien und 17 Testkreuzungen (mit jeweils zwei biologischen Replikaten) wurden die Expressionsprofile mit dem 18 K Maize Genome Array untersucht.
- 34 Inzuchtlinien wurden auf ihre Kopienzahlvariationen hin über die CGH-Methode mit einem NimbleGen 2.1M Array untersucht.

II.3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit

In diesem Projekt wurden grundlegende Kenntnisse über die Anwendbarkeit neuartiger Technologien im Bereich der Genotypisierung für Mais gewonnen. Durch die Verbindung von Assoziationsstudien mit umfassenden Metabolitprofilen wurden potentielle Biomarker für die Energiemaiszüchtung identifiziert. Die in diesem Projekt geleisteten Arbeiten und bereitgestellten Ressourcen ermöglichen somit eine effizientere Nutzung der natürlichen genetischen Diversität in Mais und entsprechen damit den Zielen des Förderprogramms.

II.4. Voraussichtlicher Nutzen (Verwertbarkeit des Ergebnisses im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplanes)

In diesem Vorhaben wurden sehr wichtige Erkenntnisse über die effiziente Nutzung natürlicher genetischer Diversität unter Einbeziehung neuer Techniken zur Erfassung der Sequenzdiversität von Gesamtgenomen gewonnen. Aus den erhaltenen Informationen über Ähnlichkeiten und Unterschieden auf genetischer, biochemischer und physiologischer Ebene können allgemeingültige Schlussfolgerungen gezogen werden, die für die Weiterentwicklung der Energiepflanze Mais von Bedeutung sind, aber auch für die Züchtung anderer Energiepflanzen von Nutzen sein können. Sie helfen weiterhin die Auswahl der wirksamsten und kosteneffizientesten Strategien zu treffen und unterstützen die Planung und Gestaltung entsprechender Zuchtprogramme und experimenteller Designs. Aufwändige phänotypische Selektionen können damit reduziert werden. Die erhaltenen Kenntnisse beziehen sich auf

neue Markerplattformen mit extrem hoher Markerdichte, die in hohem Durchsatz angewendet werden können. Expressions- und Metabolitprofilen der Maisinzuchtlinien und Testkreuzungen sind auch in anderen Fragestellungen von Nutzen, unter anderem bei dem KBBE Projekt ‚CornFed‘. Die als signifikant detektierten Metabolite können weiter auf ihr Potential als Biomarker hin untersucht werden. Die Beteiligung des Industriepartners KWS garantiert dabei eine wirtschaftliche Umsetzung der gefundenen Ergebnisse, insbesondere zur Unterstützung aktueller Maiszuchtprogramme.

II.5. Während der Durchführung des Vorhabens dem ZE bekannt gewordener Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

Während der Projektlaufzeit wurde das Maisreferenzgenom B73 veröffentlicht (Schnable et al., 2009, Science 326, 1112-1115) und darauf basierend der Illumina MaisSNP50-Array (Ganal et al. (2011, PLoS 6, e28334) durch die von der Fa. Illumina eingerichteten internationalen maize SNP selection group entwickelt, in der IPK als Partner beteiligt war. Dieser Arrays konnte damit für die Genotypisierungen im Rahmen von GABI-ENERGY herangezogen werden. Er enthält ca. 56.000 gleichmäßig über das Genom verteilte SNPs, die überwiegend in Genen lokalisiert sind.

Ein Vergleich der Genomstruktur der Maisinzuchtlinien B73 und Mo17 durch ‚comparative genomic hybridisation‘ (CGH) ließ ein sehr hohes Niveau struktureller Diversität erkennen (Springer et al., 2009, PLoS Genetics 5, e1000734). Neben größeren Genomregionen mit keiner oder wenig Variation wurden mehrere hundert Gene mit unterschiedlicher Kopienzahl in den beiden Linien identifiziert. Eine experimentelle Bestätigung, dass Kopienzahlvariation Biomasse oder andere quantitative Merkmale beeinflusst fehlt allerdings bisher.

II.6. Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen des Ergebnisses

Ein Teil der erzielten Ergebnisse wurde bereits in sehr renommierten internationalen wissenschaftlichen Fachzeitschriften publiziert:

Ganal, M.W., Altmann, T., and Röder, M.S. (2009) SNP identification in crop plants. *Curr. Opin. Plant Biol.* **12**, 211-217.

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, 217-220 <http://dx.doi.org/10.1038/ng.1033>.

Riedelsheimer, C., Lisec, J., Czedik-Eysenberg, A., Sulpice, R., Grieder, C., Altmann, T., Stitt, M., Willmitzer, L., Melchinger, A.E. (2012) Genome-wide association of leaf metabolic profiles for dissecting complex traits in maize. *PNAS* 109, 8872-8877 <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1120813109>.

Larhlmi, A., Riedelsheimer, C., Czedik-Eysenberg, A., Lisec, J., Sulpice, R., Altmann, T., Stitt, M., Willmitzer, L., Melchinger, A.E., Selbig, J. (2012) Metabolic profiles of field-grown seedlings allow biomass prediction of mature maize plants. In Vorbereitung.

Muraya, M., Seifert M., N. Springer, Schnable, P., Melchinger, A.E., Altmann, T. (2012) High degree of copy number variation across 34 maize inbred lines. In Vorbereitung.

Meyer, R.C.M., Ernst, M., Gryczka, C., Lisec, J., Friedel, S., Willmitzer, L., Melchinger, A.E., Altmann, T. (2012) Association mapping biomass, metabolite and gene expression variation in maize. In Vorbereitung.