

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

Veröffentlichung der Ergebnisse von Forschungsvorhaben im BMBF-Programm

Deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI)

Forschungsvorhaben:

de.NBI – Etablierungsphase – Leistungszentrum GCBN – German Crop BioGreenformatics Network

Förderkennzeichen:

031A536B

Zuwendungsempfänger:

Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt
(GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology
Ingolstädter Landstr. 1, 85764 Neuherberg

Projektleitung:

Prof. Dr. Klaus Mayer, Dr. Heidrun Gundlach

Laufzeit:

01.03.2015 bis 31.12.2021

„Das diesem Bericht zugrundeliegende BMBF-Forschungsvorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung unter dem Förderkennzeichen 031A536B gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.“

I. Kurze Darstellung

1. Aufgabenstellung

Das Vorhaben war als eines von ursprünglich 21 Teilprojekten in einem Ausschreibungsverfahren dazu ausgewählt worden ein geographisch verteiltes deutsches Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI) mit aufzubauen. Unsere Arbeitsgruppe „Genomik und Systembiologie pflanzlicher Genome“ am Helmholtz Zentrum München (im folgenden HMGU genannt), war im Kompetenzbereich der grünen Bioinformatik für Nutzpflanzen dem sogenannten „German Crop BioGreenformatics Network“ (GCBN) Servicezentrum angesiedelt. Die beantragten Arbeitspakete umfassten die Erstellung und Strukturierung von Pflanzen-Genomdaten für Nutzer/-innen aus Forschung und Züchtung, sowie den verbesserten Zugang zu den entsprechenden Ressourcen. Inhaltlich war der GCBN Antrag in drei Hauptthemen gegliedert : (1) Transparenter Zugang zu pflanzengenetischen Ressourcen, (2) Verbesserung der Workflows zur Annotation von Pflanzengenomen (3) Verknüpfung von Genotypen und Phänotypen. Der Schwerpunkt von GCBN-Partner HMGU war Thema (2): die strukturelle Annotation von komplexen Pflanzengenomen mit optimierten Workflows unter Berücksichtigung von pflanzen-spezifischen Problematiken. Für die generierten Annotations-Daten sollte der transparente Zugang mit den Mitteln aus Thema (1) ermöglicht werden. Gleichzeitig sollten die Daten als Grundlage zur Bearbeitung von Thema (3) dienen.

Eingebettet in die beschriebenen GCBN Aufgaben sollte das de.NBI Netzwerk mit Service-, Schulungs- und Gremiums-Aktivitäten unterstützt werden.

Im Zuge des Beitrittes Deutschlands zu dem europäischen Bioinformatik-Netzwerk ELIXIR im Jahr 2016 wurde die Teilnahme an ELIXIR Aktivitäten als zusätzliches Vorhabensziel festgelegt. ELIXIR bündelt biowissenschaftliche Kompetenzen und Ressourcen aus den zur Zeit 23 Mitgliedsländern („European life-sciences infrastructure for biological Information“, elixir-europe.org). Mit der Zielsetzung einer synergistischen Weiterentwicklung und größeren Sichtbarkeit vernetzt ELIXIR Wissenschaftler aus verschiedenen Ländern in themenspezifischen Projekten zur Verbesserung der dringend benötigten Bioinformatik-Infrastruktur Europas.

2. Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

HMGU war einer von drei Partnern des de.NBI Service Zentrums für Pflanzen Bioinformatik GCBN. Uwe Scholz vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gasterleben (IPK) hatte die Leitung von GCBN übernommen, der dritte Partner war Björn Usadel vom Forschungszentrum Jülich (FZJ). Alle drei Partnergruppen hatten schon zuvor auf dem Gebiet der Pflanzen Bioinformatik erfolgreich zusammengearbeitet. GCBN wiederum war als eines von acht Service Zentren in die verteilte Struktur von de.NBI eingebettet.

In dem Konzept von de.NBI sollten sich über Deutschland verteilte Arbeitsgruppen mit anwendungsorientierter bioinformatischer Expertise zusammenschließen um gemeinsam ein Infrastruktur Netzwerk aufzubauen. Die beteiligten Partner und die Organisationsstrukturen von de.NBI werden im Abschnitt “I.5. Zusammenarbeit mit anderen Stellen” vorgestellt. Die Aufgaben des Netzwerkes umfassten bioinformatische Service Leistungen und Schulungen für eine heterogene Nutzergemeinschaft von Studenten über Doktoranden bis zu erfahrenen Wis-

senschaftlern im Bereich der Lebenswissenschaften. Parallel dazu sollten im Rahmen von ELIXIR internationale Kooperation in diesen Bereichen intensiviert sowie neu geknüpft werden.

Neben dem Aufbau einer für Deutschland neuen Bioinformatik Infrastruktur wurde im Laufe des Projektes eine zusätzliche übergeordnete Aufgabe definiert: nämlich ein tragfähiges Verstärkungskonzept für die Zeit nach der BMBF Förderung zu entwickeln und umzusetzen. Die hindernisreiche Suche nach einer bezüglich Finanzierung und Organisation geeigneten Verstärkungslösung war sehr aufwändig und hatte bei den Mitgliedern der zuständigen Gremien (SIG-5, CCU) viele Ressourcen und Geduld in Anspruch genommen. Da es für verteilte Infrastrukturprojekte bisher noch keine Konzepte gab, nahm de.NBI in dieser Hinsicht auch eine Vorreiterrolle ein.

Die ursprünglich vorgesehene fünfjährige Förderperiode war durch eine Zwischenevaluierung nach drei Jahren in zwei Teile aufgeteilt worden. Da trotz erfolgversprechender Lösungsansätze eine Verstärkung des Netzwerkes ab 1.1.2020 noch nicht realisiert werden konnte, wurde die BMBF Förderung letztmalig für eine weitere zweijährige Brückenphase bis Ende 2021 verlängert.

3. Planung und Ablauf des Vorhabens

Entsprechend der thematischen Schwerpunkte und in Absprache mit den Projektpartnern wurde das Vorhaben in drei Arbeitspakete aufgeteilt: (1) Transparenter Zugang zu pflanzengenetischen Ressourcen, (2) Verbesserung der Workflows zur Annotation von Pflanzengenomen und (3) Verknüpfung von Genotypen und Phänotypen. Der Schwerpunkt von HMGU lag auf dem Annotations-Service von Arbeitspaket (2) und umfasste die Weiterentwicklung und Anwendung von Annotations-Workflows, die Evaluierung der erstellten Daten, Beratungen von Pflanzenwissenschaftlern zu „best practise“ Methoden und individuelle Schulungen von (Gast-)Wissenschaftlern. In Zusammenarbeit mit Partner IPK wurden auch einige Aufgaben zu Paket (1) durchgeführt. Zu Paket (3) wurden zusammen mit Partner FZJ kleinere Punkte bearbeitet.

Neben den Aktivitäten für Arbeitspakete, Service und Schulungen war HMGU auch in einem der de.NBI Steuerungsgremien, nämlich der SIG-7(ELIXIR Kooperation) in stellvertretender Leitung tätig.

4. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Im GCBN Teil des Förderantrags von 2012 wurde unter anderem an die 15-jährige Expertise von HMGU in der Annotation und Analyse von Pflanzengenomen angeknüpft. Der HMGU Antragssteller Prof. Dr. Klaus Mayer war maßgeblich an dem internationalen Projekt zur Sequenzierung und Analyse von *Arabidopsis thaliana* beteiligt. Es handelte sich um das weltweit erste Pflanzengenomprojekt und wurde im Jahr 2000 veröffentlicht. In den ersten Jahren danach hatte er mit seiner Gruppe bei fast allen weiteren Pflanzengenomprojekten mitgewirkt und das Feld entscheidend geprägt. Zum Zeitpunkt der Antragsstellung war schon absehbar, dass die damals vorhandenen bioinformatischen Methoden zur Genom Analyse nicht mit den technischen Fortschritten im Bereich der Sequenzierung mithalten können. Aufbauend auf der vorhandenen Expertise wurde deshalb eine Unterstützung für die Weiterentwicklung und

Demokratisierung der Gen-Annotation im Rahmen von de.NBI Service Leistungen beantragt und genehmigt. Ein weiterer Mangel, der behoben werden sollte war der transparente Zugang zu einheitlich strukturierten und damit leicht wiederverwendbaren pflanzengenetischen Ressourcen.

Letztere Problematik ist nicht auf die Pflanzen Genomik beschränkt, sondern mehr oder weniger symptomatisch für alle Forschungsdaten. Unter Mitwirkung von ELIXIR wurde 2016 von einem internationalen Gremium das FAIR Data Konzept als Akronym für „Findable, Accessible, Interoperable, Reusable“ verbreitet (www.go-fair.org/fair-principles). Die GoFAIR Bewegung sensibilisiert Wissenschaftler für das Thema und bietet Leitlinien und Umsetzungskonzepte zur nachhaltigen Nutzung von Forschungsdaten. Die Verbreitung des FAIR Data Konzeptes und Unterstützung bei der Umsetzung wurde auch für de.NBI zu einem wichtigen Anliegen.

5. Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Zur Entwicklung einer verteilten deutschen Bioinformatik Infrastruktur waren anfangs 21, später dann 32 Gruppen mit unterschiedlichen sich ergänzenden Expertisen ausgewählt worden, die wiederum zu den folgenden acht thematisch übergeordneten Service Zentren zusammengefasst waren (Kürzel:Anzahl der Partner):

- Humane Bioinformatik (HD-HuB: 4)
- Mikrobielle Bioinformatik (BiGi: 3)
- Pflanzen Bioinformatik (GCBN: 3)
- RNA-Bioinformatik (RBC: 4)
- Protein Bioinformatik (BioInfra.Prot: 4)
- Integrative Bioinformatik (CIBI: 5)
- Biodatenbanken (BioData: 5)
- Datenmanagement/Systembiologie (de.NBI-SysBio: 4)

Die Leitung von de.NBI erfolgte über eine Geschäftsstelle in Bielefeld unter der Federführung von Prof. Alfred Pühler. Als netzwerkübergreifendes Leitungs- und Entscheidungsgremium wurde eine sogenannte CCU („Central Coordinating Unit“) eingesetzt. Jedes der acht Service Zentren hatte einen Sitz in der vierteljährlich zusammenkommenden CCU. Den Vorsitz hatte Alfred Pühler inne. Für die Diskussion und Vorbereitung von Spezialthemen wurden folgende sogenannte SIGs („Special Interest Groups“) gegründet, deren Ergebnisse und Vorentscheidungen dann in der CCU behandelt wurden:

- SIG-1: Kommunikation & Öffentlichkeitsarbeit
- SIG-2 - Service & Service Monitoring
- SIG-3 - Training & Ausbildung
- SIG-4 - Interoperabilität & Daten Management

- SIG-5 - de.NBI Entwicklung
- SIG-6 - de.NBI Cloud
- SIG-7: ELIXIR Kooperation, ab 4/2017 bis 1/2020 danach ELIXIR.de CCU

Die HMGU Mitarbeiterin Heidrun Gundlach war stellvertretende Leiterin der SIG-7 ELIXIR und anschließend Mitglied der neuen gegründeten ELIXIR CCU. Sie hatte auch als Gast an den de.NBI CCU und SIG-5 Sitzungen teilgenommen. Darüber hinaus hatte HMGU mit verschiedenen de.NBI Partnern und SIGs fallweise zusammengearbeitet. Innerhalb von GCBN bestand eine kontinuierliche enge Zusammenarbeit mit den beiden Partnern IPK und FZJ in wissenschaftlichen und organisatorischen Belangen.

Für den Annotations-Service wurde mit den jeweiligen auftraggebenden Projektpartnern enger Kontakt gehalten. Abhängig von den zur Verfügung stehenden Input Daten, den Verwandtschaftsverhältnisse zu bereits existierenden Genomen und dem zur Verfügung stehenden Zeitrahmen mussten die Workflows jeweils passgenau modifiziert werden. Oft war nach Abschluss der Arbeiten HMGU - durch de.NBI und ELIXIR sensibilisiert - die treibende Kraft um die im Projekt generierten Daten möglichst FAIR zur Verfügung zu stellen.

II. Eingehende Darstellung

1. Verwendung der Zuwendung und der erzielten Ergebnisse

1.1 de.NBI-Service Annotation von komplexen Pflanzengenomen

Im Gegensatz zu anderen Organismen war eine qualitativ hochwertige strukturelle Annotation von Pflanzengenomen zu Projektbeginn noch keine triviale Routine Anwendung. Während das menschliche Genom mit 3.2 Giga-Basenpaaren (Gbp) schon sehr groß ist, enthalten pflanzliche Genome im Durchschnitt 5-6 Gbp. Wichtige Nutzpflanzen, wie z.B. der aus drei Genomen bestehende Brot Weizen (16Gbp) übertreffen sogar noch den Durchschnitt. Die unterschiedlichen Genomgrößen sind allein auf die unterschiedlichen Mengen an repetitiver „Schrott“ DNA zurückzuführen, während sich die Anzahl von echten Genen nicht wesentlich unterscheidet. Der überwiegende Anteil an repetitiver DNA stammt von verschiedenen Transposon Familien. Diese mit Viren verwandten mobilen Elemente häufen sich in hoher Kopienanzahl im Genom an. Transposons besitzen eigene Gene, können aber auch echte Gene oder Genfragmente enthalten und im Genom verbreiten. Durch diese komplexen Verhältnisse sind die echten Gene bei Pflanzen wie Nadeln im Heuhaufen verteilt und schwierig von den massenhaft vorhandenen Transposon Genen, Pseudogenen und Genfragmenten abzugrenzen.

Um eine für Wissenschaft und Züchtung nützliche Genom Ressource zu entwickeln, müssen drei aufeinanderfolgende Schritte durchgeführt werden: (1) Sequenzierung von DNA Stücken mit sogenannten „short“ oder „long Read“ Methoden, (2) Assemblierung der Reads zu bestenfalls ganzen Chromosomen und (3) Annotation von Genen und weiteren genetischen Elementen auf der assemblierten Sequenz. Bei der Sequenzierung und Assemblierung hatte es während des Vorhabens bedingt durch neuartige Sequenzier-Technologien und bessere Assemblierungs-Algorithmen rasch aufeinanderfolgende technische Fortschritte gegeben. Für die

aufgrund ihrer hohen Repetitivität zuvor nur lückenhaft assemblierbaren Pflanzengenome haben diese Fortschritte einen enormen Aufschwung gebracht. Anhand der drei im Vorhaben von uns annotierten Versionen des Referenz Genoms für Gerste lässt sich der Fortschritt exemplarisch nachverfolgen. Die 2017 publizierte Version-1 von Gerste beruhte auf einem 10-jährigem Arbeitsaufwand durch ein großes internationales Konsortiums mit entsprechend hohen Kosten. Bereits zwei Jahre später wurde Version-2 publiziert und nach weiteren zwei Jahren in 2021 Version-3. Jede der drei Versionen des Gerste Genoms spiegelte zu dem jeweiligen Zeitpunkt den Stand der Technik wieder und wies im Vergleich zur Vorgänger Version entscheidende Verbesserungen bezüglich Qualität, Zeitrahmen und Kosten auf. Zu Beginn des Vorhabens noch undenkbar, waren gegen Ende des Vorhabens für Mais, Gerste und Weizen sogar Pan-Genome in Referenzqualität mit bis zu 20 Linien pro Art verfügbar. Workflow Optimierungen in Kombination mit Hardwareaufstockungen ermöglichten es auch die ursprünglich nicht eingeplanten Pan-Genome zeitnah sowie ohne Qualitätsabstriche zu annotieren.

Im Laufe des Vorhabens wurde das HMGU Annotations-Konzept schrittweise weiterentwickelt. Der mit Python und Snakemake implementierte Workflow zur Annotation von Genen heißt „Plant.annot“ und ist bei Github unter der MIT Lizenz allgemein verfügbar hinterlegt (github.com/PGSB-HMGU/plant.annot). Auf der technischen Seite wurde aus der ursprünglich linearen durch Python Scripte gesteuerten Pipeline ein verzweigter parallelisierbarer Snakemake Workflow. Das Open-Source Workflow Management System Snakemake ermöglicht es reproduzierbare, skalierbare sowie bezüglich Rechnerarchitekturen portable Workflows zu implementieren, die sich darüber hinaus auch noch leicht konfigurieren und modifizieren lassen (snakemake.readthedocs.io). Die inhaltlichen Verbesserungen beruhten häufig auf in vorigen Annotations-Projekten gesammelten Erfahrungen oder erfolgten als Reaktion auf jeweils neu verfügbare Eingabe Daten. Die wesentliche Entwicklungspunkte waren:

- Vermeidung von Untervorhersagen (fehlende Gene, unvollständige Gene) durch Weglassen der üblichen Transposon/Repeat Maskierung von Genomsequenzen beim Mappen von Transkript-Daten, bessere Genmodelle rechtfertigen den erhöhten Rechenaufwand
- Reduzierung von Übervorhersagen durch Klassifizierung aller Genkandidaten in echte Gene, Pseudogene oder Transposon Gene mit Entscheidungsbäumen und KI-Klassifikatoren
- Einbindung einer trainierbaren intrinsischen Gendetektion (Programm Augustus), Eingabe der Transposon Annotation als Hinweis gegen Übervorhersagen
- Einbindung von langen Transkripten (IsoSeq) zur Verbesserung der Genmodelle, bessere Auflösung von Spleißvarianten
- Zusammenstellung und regelmäßige Updates von qualitativ hochwertigen Proteinsequenzen aus verschiedenen Quellen als Referenzsets für die extrinsischen Evidenzen und für die Qualitäts-Klassifizierung
- Verbesserung der Genmodellvorhersagen durch die Kombination von verschiedenen sich ergänzenden Evidenzen, Austausch von Kombinerer Modulen, unterschiedliche Gewichtung der Evidenzen, Reduktion von chimären Genmodellen

- Entwicklung von Konfidenz-/Qualitätsklassen für echte Gene basierend auf den extrinsischen Evidenzen
- Einbindung einer funktionellen Genvorhersage, u.a. mit den vom Partner FZJ entwickelten Modellen
- Zuordnung der Gene zu Ontologien wie „gene ontology“ und “ trait ontology” für automatisierte Folgeanalysen
- Konsolidierung der Gen-Annotation für Pan-Genome, um die durch technische Artefakte in einzelnen Linien fehlenden Gene zu erfassen, wechselseitige Ergänzung der Genmodelle
- Anpassungen an die neuen lückenlosen „long Read“ Genom Assemblierungen als Eingabe Daten (überlappende Zerstückelung der Chromosomen zur Parallelisierung)
- Steigerung des Rechendurchsatzes durch vermehrte Parallelisierung und wo möglich die Umstellung auf effektivere Programm Module.
- bessere Strukturierung der Annotations-Daten um dem FAIR Data Konzept gerecht zu werden (z.B. Standardisierung der Datei- und Gennamen)

Für Brotweizen ergab sich die Gelegenheit, unsere über den Workflow automatisch generierten Genmodelle zu validieren. Genfamilienexperten des internationalen Konsortiums zur Sequenzierung von Weizen (IWGSC, wheatgenome.org) hatten mit großen Aufwand 3.200 Genmodelle aus besonders interessanten Genfamilien, wie z.B. Resistenz- oder Gluten-Gene manuell kuratiert. Der Vergleich ergab nur 0.3% fehlende Gene. In 86.6% der Fälle stimmten die Genmodelle überein. Bei den restlichen 13.3% war zwar der Genlocus gefunden worden, es gab aber größere Unterschiede in der Exon-Intron Struktur. Diese Werte sind als sehr gut für eine rein automatische Annotation anzusehen. Auch bei anderen Genomprojekten wurde der HMGU Annotation von Genfamilienexperten eine generell sehr gute Qualität attestiert.

Der HMGU Annotations-Service wurde stark nachgefragt. Im Vorhaben sind insgesamt 132 Genom Assemblierungen von 51 Pflanzenarten bearbeitet worden. Der Fokus lag dabei auf Getreidearten wie Gerste, Roggen, Weizen und Hafer. Darunter befinden sich auch Pan-Genome mit mehreren (Zucht)-Linien pro Pflanzenart. 76 dieser Genome (22 Arten) sind bereits publiziert worden (siehe II.6). Für die restlichen sind die Manuskripte noch in der Vorbereitungsphase. Aus der Vielzahl der unterstützten Genomprojekte sind einige aufgrund ihrer Bedeutung besonders hervorzuheben und werden im folgenden näher beschrieben.

Ein Höhepunkt von dem sogar in der 20 Uhr Tagesschau berichtet worden ist, war die Publikation des Brot-Weizengenoms in Science am 17. August 2018 mit dem Titel "Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome" (/361/6403/eaar7191). HMGU hatte mit seinen Workflows maßgeblich zur Annotation und Analyse des 16 Gbp großen, hexaploiden Weizen Genoms beigetragen. Diese erste einigermaßen vollständige Assemblierung eines Weizen Referenzgenoms beruhte wie Gerste Version-1 noch auf einem über 10-jährigen Einsatz eines sehr großen internationalen Konsortiums. Nur zwei Jahre später konnten - wieder analog zu Gerste - über 10 Zuchtlinien in Referenz-

qualität als Pan-Genom der Öffentlichkeit vorgestellt werden. Damit stand unvorstellbar schnell eine Fülle von wertvollen Datenressourcen für Getreideforschung und Züchtung zur Verfügung.

Das Helmbohnen (*Lablab purpureus*) Projekt war das erste Genomprojekt unter Leitung von Afrikanischen Wissenschaftlern. Die Helmbohne gehört zu den sog. „orphan crops“, die bisher von der Wissenschaft und modernen Züchtungsmethoden vernachlässigt worden sind. Sie stammt ursprünglich aus Afrika wird aber mittlerweile weltweit in tropischen Gebieten von Kleinbauern als proteinreiches Nahrungsmittel, Tierfutter und für medizinische Zwecke angepflanzt. Die Helmbohne ist eine trockenresistente, robuste und anspruchslose Pflanze, die gleichzeitig die Bodenfruchtbarkeit verbessert. Die Entschlüsselung der genetischen Grundlagen ihrer positiven Eigenschaften verspricht sowohl wissenschaftliches als auch züchterisches Potential. Das besondere an dem Projekt war: die europäischen Partner aus England, Frankreich und Deutschland (HMGU) hatten zu Projektbeginn die beteiligten Nachwuchswissenschaftler des „International Livestock Research“ Institutes (Nairobi, Kenia) mit gezielten Schulungen und Beratungen darin unterstützt die anfallenden bioinformatischen Arbeiten selbstständig durchzuführen. Von unserer Seite wurde das Schulungsmodul „Genome Annotation“ entwickelt und im Sommer 2021 als 2-tägiger Kurs mit Übungen abgehalten. Der weitere Verlauf des Projektes wurde von uns mit kleineren Analysen, Diskussion der Ergebnisse und Beratungen beim Verfassen des Genom-Manuskriptes begleitet. Das Projekt ist mittlerweile erfolgreich abgeschlossen und die Publikation dazu eingereicht.

Ein weiteres „orphan crop“ Genomprojekt nämlich das der Fababohne wurde bei der Repeat Annotationen unterstützt. Das nur diploide Genom der Fababohne ist mit 13 Gbp besonders groß und daraus folgend extrem repetitiv. Eines der Chromosomen ist mit knapp 3.4 Gbp sogar größer als das gesamte menschliche 3.2 Gbp Genom. Ein solches extremes Genom lässt sich erst seit kurzem auf der Grundlage der neuesten hochpräzisen „long Read“ Sequenziermethoden („CCS: circular consensus sequencing“) assemblieren. Für die herausfordernde Repeat-Annotation mussten die HMGU Workflows noch stärker parallelisiert sowie mit zusätzlichen Modulen versehen werden. Durch diese Verbesserungen sind wir auch schon für das geplante sehr rechenintensive Fababohnen Pan-Genomprojekt gut vorbereitet.

1.2 Schulungen

HMGU hatte für folgende acht Trainingskurse theoretische und in der Regel auch Praxis-Module ausgearbeitet und durchgeführt:

- 7.-8.12.2015: „1st GCBN de.NBI User Training, „From Genotype to Phenotypes Access&Manage Plant Data“, zusammen mit IPK und FZJ am Helmholtz Zentrum München, eine HMGU Trainerin,
- 11-13.10.2016: „1. *Triticeae* Gene Nomenclature Workshop“, Helmholtz Zentrum München, zwei HMGU Trainer/-innen
- 20.2.2017: "RNAseq Analysen: Fallstricke und Lösungen", Helmholtz Zentrum München, zwei HMGU Trainer

- 11-12.9.2017: „Phylogeny for Beginners: a two day hands on tutorial“, Helmholtz Zentrum München, zwei HMGU Trainer
- 1.7.2018: „2. *Triticeae* Gene Nomenclature Workshop“, Wheat Initiative, Berlin, eine HMGU Trainerin
- 1.-5.-10.2018: „2nd International CCTB Summer School in Functional Genomics“, Würzburg, zwei HMGU Trainer
- 6.-9.11.2018: „Bioinformatics for Plant Biology“, EML-EBI Kurs, Hinxton, eine HMGU Trainerin („Characteristics of plant genomes and online resources“, Hands-on course.), ein IPK Trainer („Barlex and IPK resources“)
- 28-30.7.2021: „3rd Generation Genomics and Bioinformatics Africa Workshop, Module 7: Genome annotation“, Hybrid Workshop in Nairobi, Kenia und Online, zwei HMGU Trainer/-innen

Weitere Schulungsaktivitäten bestanden aus individuell abgestimmten bioinformatischen Fortbildungen für hospitierende Wissenschaftler/-innen. Im Vorhabenszeitraum wurden insgesamt acht externe Wissenschaftler/-innen (fünf Postdocs und drei Doktorandinnen) für längere Zeiträume (Wochen oder Monate) von der HMGU Gruppe betreut, um für sie wichtige bioinformatische Fertigkeiten zu erlernen und auch gleich auf ihren eigenen Datensätzen anzuwenden. Der im Vorhaben entwickelte Workflow „plant.annot“ war für Gastwissenschaftler des Weizen- und Haferprojektes auch ein Bestandteil ihrer individuellen Fortbildungen.

Ein HMGU Trainer hatte 2018 und 2019 für seinen Kurs „Ein praxisorientierter Einblick in die Bioinformatik“ (OTH Regensburg) die de.NBI cloud benutzt. Eine virtuelle Maschine diente als leistungsstarker Linux Server, der zur Berechnung der Programmieraufgaben für alle Kursteilnehmer/-innen über individuelle Logins zugänglich war. Gleichzeitig fungierte der Server als gemeinsame Plattform zur Fortschrittskontrolle und Hilfestellung durch den Kursleiter. Das Verfahren hatte sich sehr bewährt. Die Kursteilnehmer/-innen wurden mit Cloud Computing im Allgemeinen und im Speziellen mit de.NBI und der de.NBI Cloud Resource bekannt gemacht.

1.3 Beteiligung am de.NBI Netzwerk

Neben dem Service und den Schulungen hat HMGU mit unterschiedlichen weiteren Aktivitäten am Aufbau und dem Bekanntwerden des de.NBI Netzwerkes engagiert mitgewirkt. Im folgenden werden einzelne Aspekte dazu beispielhaft herausgegriffen.

Die HMGU Mitarbeiterin Heidrun Gundlach war während des Bestehens der SIG-7 (ELIXIR Kooperation) von 2017-2020 deren stellvertretende Leiterin. Seit 2020 war sie dann als Repräsentantin für GCBN in der neu gegründeten ELIXIR.de CCU tätig. Darüber hinaus war sie als interessierter Gast bei allen SIG-5 (de.NBI Entwicklung) und CCU (de.NBI Leitungsgremium) Arbeitstreffen anwesend. Die Mitarbeit bei ELIXIR.de ist auch nach dem Ende des Vorhabens fortgesetzt worden.

Um den Bekanntheitsgrad des de.NBI Netzwerkes zu erhöhen wurden de.NBI und ELIXIR.de in die Konferenzbeiträge von HMGU Mitarbeitern und Mitarbeiterinnen aufgenommen (z.B. Logos auf Postern) oder im Rahmen von Vorträgen kurz vorgestellt. Des weiteren hatte sich

GCBN an vielen de.NBI Veröffentlichungen und Broschüren beteiligt (denbi.de/literature). Beispiele mit HMGU Beiträgen sind: zwei Artikel in der de.NBI Spezialausgabe des „Journal of Biotechnology“ von 2017 oder der Artikel „Grüne Bioinformatik-Die Entschlüsselung der Wurzeln der Zivilisation.“ in der de.NBI Highlight Broschüre von 2020.

Um auf Anraten der Gutachter die Nutzungshäufigkeit der verschiedenen de.NBI Services zu quantifizieren und miteinander zu vergleichen wurden von der SIG-2 (Service und Monitoring) vier Service Kategorien mit jeweils eigenen Erfassungskriterien definiert: 1.Tools/Anwendungen, 2.Webanwendungen, 3.Datenbanken und 4.Support/Consulting. Für die HMGU Services PlantsDB und Annotation wurden die für Datenbanken bzw. Support festgelegten Kriterien seit 2017 kontinuierlich erfasst. Während die Monitoring Parameter für PlantsDB langsam abnahmen, stiegen die Nachfragen nach Support/Consulting stark an.

Mit Unterstützung von de.NBI Mitarbeitern wurden Anfang 2018 HMGU-Test Instanzen in der de.NBI cloud eingerichtet, um unsere Rechenkapazität je nach Bedarf flexibel erweitern zu können. Um einen einfach handhabbaren, nahtlosen Übergang zwischen den verschiedenen Rechnersystemen zu gewährleisten, war es das Ziel unseres Systemadministrators die virtuellen Maschinen der de.NBI cloud in unsere Batch-Warteschlange und unser Dateisystem zu integrieren. Das ist im Prinzip auch gelungen allerdings mit der Einschränkung, dass es nur bedingt für unsere Jobs mit großen Input-/Output-Anforderungen geeignet ist. Die hierzu erforderlichen Datenübertragungsraten zwischen HMGU und Bielefeld konnten damals nicht erreicht werden. Durch die zusätzlichen de.NBI Investitionsmittel sind wir bisher nie in eine extreme Engpass Situation gekommen und hatten deshalb die de.NBI cloud Option nicht mehr weiter verfolgt.

Mit der Firma Computomics (Tübingen), einem Mitglied im de.NBI Industrieforum wurde im Jahr 2021 eng in einem Genom Assemblierungs Projekt zusammengearbeitet und eine Reihe von Analysen für das Projekt durchgeführt. Es handelte sich dabei um eine erst seit kurzem mögliche diploide Assemblierung, bei der versucht wird die Chromosomen beider Elternteile getrennt zu rekonstruieren. Bei den sonst gängigen Assemblierungen kollabieren die sehr ähnlichen Chromosomen beider Elternteile zu einem Sequenz-Strang. In einem experimentellen Ansatz hatte HMGU mit einer neuartigen Methode die Sequenzen von unterschiedlichen Assemblierungsversuchen den jeweiligen Elternteilen zugeordnet. Letztendlich konnten durch diese Daten die optimalen Assemblierungsparameter für dieses Projekt identifiziert werden.

Innerhalb von GCBN standen die drei Partner IPK, FZJ und HMGU sowohl für organisatorische als auch wissenschaftliche Belange im Sinne der Aufgabestellung (siehe I.1) in ständigem Dialog miteinander. Mit dem Partner FZJ gab es drei gemeinsame Genom Projekte sowie gegenseitige Austausche zur Verbesserung der funktionellen Gen-Annotation mit den von FZJ im Vorhaben entwickelten Vorhersagemodellen. Mit dem Partner IPK war das Management der im Laufe der Zeit immer unübersichtlicher werdenden Gerste Datensets ein fortlaufendes Thema, wie beispielsweise: mehrmalige interne und offizielle Updates des Referenzgenoms, dann Pan-Genome mit verschiedenen Assemblierungs- und Annotationsversionen, sowie mit NCBI/ENA inkompatible Formate in den Assemblierungen. Letztendlich ist es gelungen alle Probleme zu lösen und unsere gemeinsamen Erfahrungen gleich durch präzise Vorgaben zur Standardisierung in neue Projekte einzubringen. Im Laufe des Vorhabens wurden die HMGU Getreide Annotationen in die IPK de.NBI Services integriert ([- 10 -](http://cats.ipk-</p></div><div data-bbox=)

gatersleben.de). Um Pflanzendaten im Sinne von FAIR Data langfristig und leicht für eine Wiederverwertung zugänglich zu machen wurde von Partner IPK eine elektronischen Datenarchiv Bibliothek (Acronym e!DAL) weiterentwickelt und als technische Grundlage für den Aufbau eines „Plant Genomics & Phenomics Research Data Repository“ (e!DAL-PGP, edal-gpp.ipk-gatersleben.de) verwendet. e!DAL vergibt für die dort deponierten Daten einen eindeutigen und dauerhaften Digitalen Objektbezeichner, abgekürzt DOI. HMGU war der erste externe Benutzer von e!DAL-PGP und hat Rückmeldungen zur Verbesserung der Funktionalität eingebracht.

GCBN hatte als erstes de.NBI Service Zentrum mit dem Aufbau einer Nutzer Gemeinschaft („community building“) begonnen. Die jährlichen Statusseminare des BMBF Programms PLANT 2030 zur Förderung der Pflanzenforschung wurden in 2021 und 2022 als Forum genutzt, um de.NBI als ganzes und die GCBN Services im Besonderen vorzustellen. Zu der Veranstaltung in 2021 gab es im Vorfeld eine Umfrage zum Bekanntheitsgrad, der Verwendung und der Beurteilung der GCBN Services. 80 Personen beteiligten sich an der Umfrage, davon benutzen 86% mindestens einen GCBN Service regelmäßig oder manchmal. Durch das online Format der beiden Konferenzen war es kaum möglich mit den Nutzerinnen und Nutzern ins Gespräch zu kommen. Der allgemein Eindruck ist aber, dass sowohl Schulungen für Programmieranfänger als auch Schulungen für Standard Applikationen stark nachgefragt sind. Es geht dabei auch darum die Nutzer/-innen durch die Angebotsvielfalt zu leiten sowie Methoden aufzuzeigen, die auch für die immer mehr zur Verfügung stehenden hoch repetitiven Pflanzeng Genome gut funktionieren. Zukünftig soll die de.NBI Plant Bioinformatics Community (PBC) weiter ausgebaut werden. Für das nächste PLANT 2030 Statusseminar ist z.B. ein Community-Training-Event als Satellitenveranstaltung geplant.

1.4 Beteiligung am ELIXIR Netzwerk

Die ELIXIR „Plant Sciences“ Community beschäftigt sich mit ähnlichen Themen wie GCBN und bot damit einen natürlichen Anknüpfungspunkt für den Einstieg der GCBN Mitarbeiter/-innen in das ELIXIR Netzwerk. Ein gemeinsames übergeordnetes Ziel ist Nutzpflanzen schneller an den Klimawandel anzupassen: als einen Baustein zur weltweiten Ernährungssicherheit. Konkret muss dazu die exponentiell ansteigenden Flut von genomischen Ressourcen und Phänotypisierungs-Daten besser strukturiert und über Metadaten miteinander verbunden werden (MIAPPE Standard). Solche standardisierten und über Zugriffsschnittstellen automatisch abrufbaren Daten (BrAPI) sind dann nicht mehr verloren, sondern lassen sich von der Pflanzen Community für Domänen übergreifende Analysen (wieder)verwenden. Das Ziel solcher Analysen ist das Zusammenspiel zwischen genetischer Basis und Umweltbedingungen, wie z.B. Trockenheit oder Krankheitserreger besser zu verstehen, um vorteilhafte Merkmale gezielter und schneller in Züchtungsprogramme einzubringen.

HMGU war an zwei ELIXIR Auftragsstudien beteiligt, die anhand von exemplarischen Pilotprojekten Lösungen für die eben beschriebenen Problemfelder entwickeln und umsetzen sollten. Solche Studien bündeln die Expertise von mehreren europäischen Partnern und ELIXIR Plattformen, wie Interoperabilität, Datenbanken, Tools oder Training. Im Rahmen der bereits erfolgreich abgeschlossene Studie „FONDUE - FAIR-ification of Plant Genotyping Data and its linking to Phenotyping using ELIXIR Platforms“ (6/2019-11/2021) wurde ein neuer Standard und ein Prozedere für die Verknüpfung von Genotyp und Phänotyp Daten ausgearbeitet

und mit ausgewählten Datensets von Gerste und Weizen umgesetzt (elixir-europe.org/internal-projects/commissioned-services/fondue). Die zweite noch laufende Studie „Increasing Plant data findability and reuse beyond ELIXIR“ (6/2021-5/2023) beschäftigt sich mit Training, Bündelung der Dienste zu Service Paketen und dem Konzept für ein europäisches Pflanzendatenportal als erste Anlaufstelle, um die jetzt noch übliche zeitraubende Suche nach spezifischen Pflanzendaten zu erleichtern ([increasing-plant-data-findability](https://elixir-europe.org/internal-projects/commissioned-services/increasing-plant-data-findability)).

Ein grundlegendes Problem für Genomwissenschaftler/-innen ist aus dem zunehmend verwirrenden Angebot an Bioinformatik Programmen die für den jeweiligen Zweck geeigneten zu finden. Bei der Analyse von Pflanzen kommt aufgrund der hohen Repetitivität der Genome noch ein spezielles Problem hinzu: manche in anderen Domänen bewährten Programme brauchen entweder viel zu lange oder stürzen wegen Speicherzugriffsfehlern ab. Eine triviale, aber trotzdem fatale Ursache beruht manchmal einfach darauf, dass das in den Programmen verwendete Format für die maximal zulässige Zahlengröße unter der Größe einiger Pflanzenchromosomen liegt. Um die existierenden Programme, Workflows und Datenbanken der Lebenswissenschaften übersichtlich und leicht durchsuchbar aufzubereiten wurde von ELIXIR die Biotools Plattform (bio.tools) entwickelt. Die GCBN Tools, inklusive des HMGU Gen-Annotations Workflows sind dort eingestellt und verschlagwortet worden. Das „Research Data Management Kit“ (RDMkit) ist ein weiterer hilfreicher ELIXIR Service um die Nutzer/-innen durch den gesamten den Daten-Lebenszyklus zu führen: von Planung über Analyse bis zur wiederverwertbaren persistenten Speicherung. Im Zuge der Auftragsstudie FONDUE wurde das RDMkit um das Angebot „plant genomics tool assembly“ erweitert (rdmkit.elixir-europe.org/plant_genomics_assembly).

Die Gendomdatenbank EnsemblePlants ist eine ausgewiesene ELIXIR „Core Data Resource“ (plants.ensembl.org). Die aktuelle Version 54 enthält 125 Pflanzen Genome mit den zugehörigen Gen-Annotationen. Für 31 dieser Genome (25%) wurde die Gen-Annotation von HMGU beigesteuert, darunter 25 (20%) während des Vorhabens. Weitere im Vorhaben annotierten Genome sind in Vorbereitung für EnsemblePlants. Da die in den letzten Jahren mit den neuen Methoden entstandenen Genom Assemblierungen regelwidrig konkatenierte Komponenten und Verunreinigungen mit Plastid DNA enthielten, war es für HMGU sehr aufwendig die Annotations-Daten der nicht Standard konformen Assemblierungen in das offizielle ENA/NCBI Format überzuführen und zu filtern. Das Problem hatte auch die ELIXIR Auftragsstudie FONDUE beschäftigt und konnte nach langwierigen Verhandlungen mit den Assemblierungs Laboren gelöst werden, um zukünftig unnötige und zugleich fehleranfällige Datentransformationen zu vermeiden.

Bei dem schwedischen Referenzgenomprojekt von Hafer hatte HMGU von Beginn an eng mit einem Daten Management Mitarbeiter von ELIXIR Schweden zusammengearbeitet und in Bezug auf FAIR Data an einem Strang gezogen. Die Daten wurden gut strukturiert und über das vom Partner IPK betriebene e!DAL-PGP Repository zugänglich gemacht (doi.org/10.5447/ipk/2022/2).

HMGU hatte bei den jährlichen ELIXIR „All Hands“ Treffen mitgewirkt und bereits bestehende Kontakte intensiviert. Allerdings war es bei den online Treffen während der Covid-19 Pandemie sehr schwierig neue Kontakte zu knüpfen.

Zusammenfassend lässt sich feststellen: GCBN ist mittlerweile mit vielfältigen Aktivitäten gut sichtbar im ELIXIR Netzwerk positioniert. Insgesamt war GCBN bisher an drei ELIXIR Auftragsstudien beteiligt, eine davon (FONDUE) unter der Leitung von IPK Partner Uwe Scholz. Seit 2019 hat Sebastian Beier (früher IPK, seit 2022 FZJ Mitarbeiter) die Rolle des ELIXIR Communication Officers für das Servicezentrum GCBN übernommen. Ebenfalls seit 2019 sind GCBN Vertreter auch in die gemeinsamen Leitung der ELIXIR „Plant Sciences“ Community berufen worden: zunächst Astrid Junker vom IPK, ab 2021 Sebastian Beier. Die ELIXIR Aktivitäten von HMGU werden auch nach Ende des Vorhabens in enger Zusammenarbeit mit Sebastian Bayer (FZJ) und Uwe Scholz (IPK) fortgeführt.

2. Wichtige Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Die Mittel wurden wie geplant eingesetzt. Die über das Vorhaben finanzierte Stelle war durchgehend von einer erfahrenen Bioinformatikerin mit langjähriger Expertise in der Pflanzengenomik besetzt. Ihr vielfältiges Aufgabenspektrum umfasste u.a.:

- die konzeptionelle Weiterentwicklung, Implementierung und Durchführung der HMGU Annotations-Services
- regelmäßige Kontakte mit den Akteuren der Genomprojekte (Fortschrittsberichte, Diskussion der Ergebnisse und des weiteren Vorgehens)
- die Bearbeitung von Nutzeranfragen (das Spektrum reichte von kurz beantwortbaren Anfragen bis zu umfangreicheren Zusammenstellungen und Analysen von komplexen Datensets)
- das Datenmanagement im Sinne von FAIR Data
- die Betreuung und Erweiterung der Pflanzen Transposon Datenbank
- die Ausarbeitung und Durchführung von Schulungen
- die Erledigung des de.NBI Berichts- und Umfragewesens
- die Zusammenarbeit mit GCBN, de.NBI und ELIXIR
- die Reisetätigkeiten zu de.NBI und ELIXIR Treffen

Mit den Investitionsmitteln wurde die IT-Infrastruktur der HMGU Gruppe erweitert, um die steigenden Anforderungen der rechenintensiven Services zu bedienen. Die Reisemittel wurden für Dienstreisen zu de.NBI und ELIXIR Treffen verwendet.

3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit

Die im Rahmen des Vorhabens durchgeführten Arbeiten überstiegen bei weitem die Personalkapazität der Grundfinanzierung und konnten nur mit Hilfe der bewilligten Projektmittel ausgeführt werden. Letztendlich hat HMGU mit Service, Beteiligung in de.NBI Gremien, Schulungen und FAIR Data Management mit zum Aufbau des de.NBI Netzwerkes beigetragen. Auf internationaler Ebene wurde mit ELIXIR und verschiedenen Genomprojekt Partnern zusammengearbeitet.

4. Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Das im Vorhaben neu aufgebaute und Service orientierte Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur bietet einen zentralen Anlaufpunkt für Lebenswissenschaftler/-innen, um allgegenwärtige bioinformatische Herausforderungen besser zu bewältigen. Bedingt durch die fortlaufenden Weiterentwicklungen von Sequenzier-Technologien, bioinformatischen Analyse Tools und wiederverwendbaren Daten Ressourcen ist es heutzutage schwierig einen jeweils aktuellen Überblick über neueste Methoden und praktikable Vorgehensweisen zu bekommen. Die 32 Partnergruppen des de.NBI Netzwerkes sind auf ihrem jeweiligen Gebiet in der aktuellen, innovativen Forschung verankert und gewährleisten dadurch Services auf dem neuesten Stand der Technik. Es wäre sehr kontraproduktiv das mit großem Engagement aller Beteiligten erfolgreich aufgebaute de.NBI Netzwerk mangels langfristiger Finanzierungslösungen stark zu reduzieren oder sogar zu beenden. Im Gegenteil das Angebot müsste noch verbessert und erweitert werden. Konzepte dazu liegen bei den beteiligten Partnern/-innen schon vor. Die Lebenswissenschaftler/-innen benötigen heutzutage mehr denn je bioinformatische Schulungen, Beratungen, Unterstützung beim Daten Management und Cloud basierte Rechenmöglichkeiten.

Die im konkreten HMGU Teilprojekt entstandenen Daten für Getreidegenome wie z.B. Weizen oder Hafer bilden wertvolle und lang ersehnte Ressourcen für Wissenschaft und Pflanzenzüchtung. Sie dienen häufig als Grundlage für weitergehende Studien. Während des Vorhabens wurden 30 Datenveröffentlichungen mit HMGU Daten in das IPK e!DAL-PGP Repository eingestellt. Bis Juli 2022 waren diese Daten von 19.607 distinkten IP Adressen heruntergeladen worden. Das dabei abgerufene Datenvolumen betrug insgesamt 187 Terabyte. Die hohe Wiederverwertbarkeit der Daten spiegelt sich auch in der hohen Anzahl an Zitaten für die Genom-Publikationen wieder. Das Gersten-Referenzgenom von 2017 wurde bisher 1072-mal zitiert, Weizen von 2018 1.701-mal, das Gerste Pan-Genom von 2020 172-mal und das Weizen Pan-Genom von 2020 282-mal (scholar.google.com, Juli 2022). Beide Statistiken weisen auf eine langfristige und nachhaltige Verwertung der Ergebnisse hin, die weit über das Vorhaben hinaus geht.

5. Bekannt gewordene Fortschritte auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

Für den konkreten Aufgabenbereich der HMGU Genom-Annotation sind die technologischen Fortschritte in der Sequenzierung und neueste methodische Entwicklungen über aktuelle Literatur, den Besuch von Konferenzen und den Austausch mit Kooperationspartnern detailliert verfolgt worden. Wie bereits unter II.1 beschrieben hatten die Fortschritte immense und spannende Impulse für die (Pflanzen-)Genom Forschung mit sich gebracht. Die Engpässe und Herausforderungen liegen jetzt nicht mehr bei Sequenzierung und Assemblierung, sondern bei der bioinformatischen Auswertung und dem Datenmanagement. Durch Workflow Optimierungen und Erhöhung der Rechenkapazitäten konnte während des Vorhabens die stark erhöhte Nachfrage nach Annotationen noch gut bewältigt werden. Allerdings wird es zukünftig mehr denn je nötig sein die bioinformatische Auswertung mit neu zu entwickelnden Methoden zu beschleunigen, um die rasant ansteigende Menge an primären Sequenzdaten sinnvoll nutzen zu können. Zur Zeit sind z.B. die Genome von fast 1000 Pflanzenarten (Quelle Partner FZJ, plabipd.de/timeline_view.ep, Juli 2022, 996 Arten) publiziert worden, 80% davon erst seit 2016 mit stark ansteigender Tendenz. Internationale Projekte zur Sequenzierung und Assem-

blierung aller 1.6 Millionen Eukaryonten (Tiere, Pflanzen, Pilze) sind bereits in der Pilotphase und werden sehr schnell tausende von Genomen liefern (earthbiogenome.org).

Das de.NBI Netzwerk insgesamt konnte im Verlauf des Vorhabens von verbesserten finanziellen Rahmenbedingungen profitieren, die zusätzliche Ziele möglich machten: Etablierung der de.NBI cloud und Intensivierung der ELIXIR Mitarbeit durch acht neu geschaffene Personalstellen für „Communication Officers“.

6. Erfolgte und geplante Veröffentlichungen der Ergebnisse

Die Ergebnisse und Aktivitäten des Vorhabens sind bis Mitte 2022 in insgesamt 51 Publikationen veröffentlicht worden. Weitere Manuskripte sind in Vorbereitung. 20 dieser Publikationen, darunter sieben Buchkapitel beschreiben entweder Ressourcen oder „best practise“ Vorgehensweisen und Methoden. In 31 Publikationen sind direkt die mit den HMGU Pipelines erstellten Annotations-Daten eingeflossen. In 20 Fällen handelte es sich dabei sowohl um Gen als auch Transposon Daten, für 12 Projekte waren nur Gen und für weitere sieben nur die Transposon Annotationen angefragt worden. Um das Auffinden und die Wiederverwertbarkeit der erzeugten Daten zu unterstützen wurden diese zusätzlich noch in das e!DAL-PGP Datenpublikations Repository von Partner IPK eingestellt. Sie sind jetzt FAIR Data konform über DOIs frei verfügbar (edal-pgp.ipk-gatersleben.de).

1. Spannagl M et al.: PGSB PlantsDB: updates to the database framework for comparative plant genome research. *Nucleic Acids Research* 44 (2015) D1141-D1147. 10.1093/nar/gkv1130
2. Spannagl M et al.: PGSB/MIPS Plant Genome Information Resources and Concepts for the Analysis of Complex Grass Genomes. In: Edwards D (Eds.): *Methods in Molecular Biology*, Springer New York (2016) 9781493931675.0, 165-186. 10.1007/978-1-4939-3167-5_8
3. Ma W et al.: Rye B chromosomes encode a functional Argonaute-like protein with in vitro slicer activities similar to its A chromosome paralog. *New Phytologist* 213 (2016) 916-928. 10.1111/nph.14110
4. Spannagl M et al.: PGSB/MIPS PlantsDB Database Framework for the Integration and Analysis of Plant Genome Data. In: van Dijk A.D.J (Eds.): *Methods in Molecular Biology*, Springer New York (2016) 9781493966585.0, 33-44. 10.1007/978-1-4939-6658-5_2
5. Bauer E et al.: Towards a whole-genome sequence for rye (*Secale cereale* L.). *The Plant Journal* 89 (2017) 853-869. 10.1111/tpj.13436
6. Clavijo BJ. et al.: An improved assembly and annotation of the allohexaploid wheat genome identifies complete families of agronomic genes and provides genomic evidence for chromosomal translocations. *Genome Research* 27 (2017) 885-896. 10.1101/gr.217117.116
7. Mascher M et al.: A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome. *Nature* 544 (2017) 427-433. 10.1038/nature22043
8. Avni R et al.: Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication. *Science* 357 (2017) 93-97. 10.1126/science.aan0032
9. Luo M et al.: Genome sequence of the progenitor of the wheat D genome *Aegilops tauschii*. *Nature*

- 551 (2017) 498-502. 10.1038/nature24486
10. Bolger M et al.: From plant genomes to phenotypes. *Journal of Biotechnology* 261 (2017) 46-52. 10.1016/j.jbiotec.2017.06.003
 11. Schmutzer T et al.: Bioinformatics in the plant genomic and phenomic domain: The German contribution to resources, services and perspectives. *Journal of Biotechnology* 261 (2017) 37-45. 10.1016/j.jbiotec.2017.07.006
 12. Wicker T et al.: The repetitive landscape of the 5100 Mbp barley genome. *Mobile DNA* 8 (2017) . 10.1186/s13100-017-0102-3
 13. Prade VM. et al.: The pseudogenes of barley. *The Plant Journal* 93 (2018) 502-514. 10.1111/tpj.13794
 14. Lang D et al.: The *Physcomitrella patens* chromosome-scale assembly reveals moss genome structure and evolution. *The Plant Journal* 93 (2018) 515-533. 10.1111/tpj.13801
 15. Keilwagen J et al.: Combining RNA-seq data and homology-based gene prediction for plants, animals and fungi. *BMC Bioinformatics* 19 (2018) . 10.1186/s12859-018-2203-5
 16. Usadel B et al.: The genome and metabolome of the tobacco tree, *Nicotiana glauca*: a potential renewable feedstock for the bioeconomy. *bioRxiv* (2018). 10.1101/351429
 17. Vogel A et al.: Footprints of parasitism in the genome of the parasitic flowering plant *Cuscuta campestris*. *Nature Communications* 9 (2018) 2515. 10.1038/s41467-018-04344-z
 18. Griesmann M et al.: Phylogenomics reveals multiple losses of nitrogen-fixing root nodule symbiosis. *Science* 361 (2018) eaat1743. 10.1126/science.aat1743
 19. Thind AKaur et al.: Chromosome-scale comparative sequence analysis unravels molecular mechanisms of genome dynamics between two wheat cultivars. *Genome Biology* 19 (2018) . 10.1186/s13059-018-1477-2
 20. The International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC): Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science* 361 (2018) eaar7191. 10.1126/science.aar7191
 21. Wicker T et al.: Impact of transposable elements on genome structure and evolution in bread wheat. *Genome Biology* 19 (2018). 10.1186/s13059-018-1479-0
 22. Twardziok SO. et al.: Gene Prediction in the Barley Genome. In: Stein N & Muehlbauer G.J (Eds.): *Compendium of Plant Genomes*, Springer International Publishing (2018) 9783319925288.0, 73-88. 10.1007/978-3-319-92528-8_6
 23. Wicker T et al.: The Repetitive Landscape of the Barley Genome. In: Stein N & Muehlbauer G.J (Eds.): *Compendium of Plant Genomes*, Springer International Publishing (2018) 9783319925288.0, 123-138. 10.1007/978-3-319-92528-8_9
 24. Beier S et al.: Databases and Tools for the Analysis of the Barley Genome. In: Stein N & Muehlbauer G.J (Eds.): *Compendium of Plant Genomes*, Springer International Publishing (2018) 9783319925288.0, 377-394. 10.1007/978-3-319-92528-8_21
 25. Bolger AM. et al.: Computational aspects underlying genome to phenome analysis in plants. *The Plant Journal* 97 (2019) 182-198. 10.1111/tpj.14179

26. Maccaferri M et al.: Durum wheat genome highlights past domestication signatures and future improvement targets. *Nature Genetics* 51 (2019) 885-895. [10.1038/s41588-019-0381-3](https://doi.org/10.1038/s41588-019-0381-3)
27. Yoshida S et al.: Genome Sequence of *Striga asiatica* Provides Insight into the Evolution of Plant Parasitism. *Current Biology* 29 (2019) 3041-3052.e4. [10.1016/j.cub.2019.07.086](https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.07.086)
28. Monat C et al.: TRITEX: chromosome-scale sequence assembly of Triticeae genomes with open-source tools. *Genome Biology* 20 (2019). [10.1186/s13059-019-1899-5](https://doi.org/10.1186/s13059-019-1899-5)
29. Kamal N et al.: Insights into the evolution of symbiosis gene copy number and distribution from a chromosome-scale *Lotus japonicus* Gifu genome sequence. *DNA Research* 27 (2020) dsaa015. [10.1093/dnares/dsaa015](https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa015)
30. Haberer G et al.: European maize genomes highlight intraspecies variation in repeat and gene content. *Nature Genetics* 52 (2020) 950-957. [10.1038/s41588-020-0671-9](https://doi.org/10.1038/s41588-020-0671-9)
31. Gao L et al.: The *Aegilops ventricosa* 2NvS segment in bread wheat: cytology, genomics and breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 134 (2020) 529-542. [10.1007/s00122-020-03712-y](https://doi.org/10.1007/s00122-020-03712-y)
32. Jayakodi M et al.: The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature* 588 (2020) 284-289. [10.1038/s41586-020-2947-8](https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8)
33. Brinton J et al.: A haplotype-led approach to increase the precision of wheat breeding. *Communications Biology* 3 (2020) 1-11. [10.1038/s42003-020-01413-2](https://doi.org/10.1038/s42003-020-01413-2)
34. Walkowiak S et al.: Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding. *Nature* 588 (2020) 277-283. [10.1038/s41586-020-2961-x](https://doi.org/10.1038/s41586-020-2961-x)
35. Shimizu KK et al.: De Novo Genome Assembly of the Japanese Wheat Cultivar Norin 61 Highlights Functional Variation in Flowering Time and Fusarium-Resistant Genes in East Asian Genotypes. *Plant and Cell Physiology* 62 (2020) 8-27. [10.1093/pcp/pcaa152](https://doi.org/10.1093/pcp/pcaa152)
36. Mascher M et al.: Long-read sequence assembly: a technical evaluation in barley. *The Plant Cell* 33 (2021) 1888-1906. [10.1093/plcell/koab077](https://doi.org/10.1093/plcell/koab077)
37. Rabanus-Wallace M, Timothy et al.: Chromosome-scale genome assembly provides insights into rye biology, evolution and agronomic potential. *Nature Genetics* 53 (2021) 564-573. [10.1038/s41588-021-00807-0](https://doi.org/10.1038/s41588-021-00807-0)
38. Sato K et al.: Chromosome-scale genome assembly of the transformation-amenable common wheat cultivar ‘Fielder’. *DNA Research* 28 (2021) dsab008. [10.1093/dnares/dsab008](https://doi.org/10.1093/dnares/dsab008)
39. Sato K et al.: Chromosome-scale assembly of wild barley accession “OUH602”. *G3 Genes|Genomes|Genetics* 11 (2021) jkab244. [10.1093/g3journal/jkab244](https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab244)
40. Wang L et al.: *Aegilops tauschii* genome assembly Aet v5.0 features greater sequence contiguity and improved annotation. *G3 Genes|Genomes|Genetics* 11 (2021) jkab325. [10.1093/g3journal/jkab325](https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab325)
41. Vershinin AV. et al.: The Gene and Repetitive Element Landscape of the Rye Genome. In: Rabanus-Wallace M.T. & Stein N (Eds.): *Compendium of Plant Genomes*, Springer International Publishing (2021) 9783030833831.0, 117-133. [10.1007/978-3-030-83383-1_8](https://doi.org/10.1007/978-3-030-83383-1_8)
42. Gaurav K et al.: Population genomic analysis of *Aegilops tauschii* identifies targets for bread wheat improvement. *Nature Biotechnology* 40 (2021) 422-431. [10.1038/s41587-021-01058-4](https://doi.org/10.1038/s41587-021-01058-4)

43. Wicker T et al.: Transposable Element Populations Shed Light on the Evolutionary History of Wheat and the Complex Co-Evolution of Autonomous and Non-Autonomous Retrotransposons. *Advanced Genetics* 3 (2021) 2100022. 10.1002/ggn2.202100022
44. Sakkour A et al.: Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics. *DNA Research* 29 (2022) dsac001. 10.1093/dnares/dsac001
45. Kamal N et al.: The Barley and Wheat Pan-Genomes. In: Edwards D (Eds.): *Methods in Molecular Biology*, Springer US (2022) 9781071620670.0, 147-159. 10.1007/978-1-0716-2067-0_7
46. Avni R et al.: Genome sequences of three *Aegilops* species of the section *Sitopsis* reveal phylogenetic relationships and provide resources for wheat improvement. *The Plant Journal* 110 (2022) 179-192. 10.1111/tpj.15664
47. Njaci I et al.: Chromosome-scale assembly of the lablab genome - A model for inclusive orphan crop genomics. *bioRxiv* (2022). 10.1101/2022.05.08.491073
48. Kamal N et al.: The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. *Nature* 606 (2022) 113-119. 10.1038/s41586-022-04732-y
49. Tinker NA. et al.: Genome analysis in *Avena sativa* reveals hidden breeding barriers and opportunities for oat improvement. *Communications Biology* 5 (2022) 1-11. 10.1038/s42003-022-03256-5
50. Zangishei Z et al.: Parasitic plant small RNA analyses unveil parasite-specific signatures of microRNA retention, loss, and gain. *Plant Physiology* (2022) kiac331. 10.1093/plphys/kiac331
51. Hofstatter PG. et al.: Repeat-based holocentromeres influence genome architecture and karyotype evolution. *Cell* 0 (2022). 10.1016/j.cell.2022.06.045

Berichtsblatt

1. ISBN or ISSN -	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Schlussbericht
3. Titel de.NBI – Etablierungsphase – Leistungszentrum GCBN – German Crop BioGreenformatics Network	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Heidrun Gundlach	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 31.07.2022
	7. Form der Publikation -
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology Ingolstädter Landstr. 1, 85764 Neuherberg	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 0
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 0
16. Zusätzliche Angaben -	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum) -	
18. Kurzfassung Das im Bericht beschriebene Vorhaben von HMGU war ein Teilprojekt zur Etablierung von de.NBI, dem deutschen Netzwerk für Bioinformatik-Infrastruktur. Zusammen mit zwei weiteren Partnern -Uwe Scholz vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben und Björn Usadel vom Forschungszentrum Jülich- wurde das Pflanzen Bioinformatik Service Zentrum GCBN aufgebaut. Die Aktivitäten von GCBN umfassten den transparenten Zugang zu pflanzengenetischen Ressourcen, die Verbesserung der Workflows zur Annotation von Pflanzengenomen sowie die Verknüpfung von Genotypen und Phänotypen. Durch die verbesserten Annotations-Workflows und konnten im Vorhaben wertvolle Daten-Ressourcen für Forschung und Züchtung entwickelt und gemäß den FAIR Data Prinzipien zur Verfügung gestellt werden. Es handelte sich dabei um Daten für die bisher nicht zugänglichen komplexen Getreide Genome wie z.B. Weizen oder Hafer. Im Vorhaben wurden auch übergeordnete de.NBI Aufgaben durchgeführt, wie z.B. Beratung und Schulung von Nutzer/-innen oder die Mitarbeit in Steuerungsgremien. Des weiteren wurden Kontakte zu ELIXIR, dem europäischen Bioinformatik Infrastruktur Netzwerk geknüpft und an ELIXIR Auftragsstudien mitgearbeitet.	
19. Schlagwörter de.NBI, GCBN, Pflanzen Bioinformatik	
20. Verlag -	21. Preis -

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9781493931675	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel PGSB/MIPS Plant Genome Information Resources and Concepts for the Analysis of Complex Grass Genomes	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Spannagl, Manuel; Bader, Kai; Pfeifer, Matthias; Nussbaumer, Thomas; Mayer, Klaus F. X.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 15.01.2016
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 22
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 52
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung PGSB (Plant -Genom- und Systembiologie; ehemals MIPS - Münchner Institut für Proteinsequenzen) ist seit mehr als einem Jahrzehnt an der Entwicklung, Implementierung und Aufrechterhaltung von Datenbanken für Pflanzengenom beteiligt. Genomdatenbanken und Analyseressourcen haben sich auf einzelne Genome konzentriert und zielen darauf ab, flexible und wartbare Datensätze für Modellorganismen als Rückgrat bereitzustellen, gegen die experimentellen Daten, z. B. von funktioneller Genomik mit hohem Durchsatz, organisiert und analysiert werden können. Darüber hinaus bilden Genome aus Modell- und Erntepflanzen ein Gerüst für die vergleichende Genomik, die von speziellen Werkzeugen wie dem Crowsnest-Betrachter unterstützt werden, um die konservierte Genomorganisation (Syntenie) zwischen verwandten Arten auf Makro- und Mikroebene zu untersuchen.	
19. Schlagwörter PlantsDB, Wheat genome, Barley genome, GenomeZipper, CrowsNest synten browser	
20. Verlag Springer New York	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9781493966585	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel PGSB/MIPS PlantsDB Database Framework for the Integration and Analysis of Plant Genome Data	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Spannagl, Manuel; Nussbaumer, Thomas; Bader, Kai; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 17.12.2016
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 12
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 19
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Plantgenom und Systembiologie (PGSB), ehemals München Institute for Proteinsequenzen (MIPS) PlantsDB, ist ein Datenbankrahmen für die Integration und Analyse von Datengenomdaten, die seit mehr als einem Jahrzehnt entwickelt und aufbewahrt werden. Hauptkomponenten dieses Frameworks sind Genomdatenbanken und Analyseressourcen, die sich auf individuelle (Referenz-) Genome konzentrieren, die flexible und intuitive Zugriff auf Daten liefern. Ein weiterer Schwerpunkt liegt auf der Integration von Genomen aus Modell- und Erntepflanzen zur Bildung eines Gerüsts für vergleichende Genomik, die von speziellen Tools wie dem Crowsnest -Betrachter zur Untersuchung der konservierten Genordnung (Syntenie) unterstützt wird. Der Datenaustausch und die integrierte Suchfunktion mit/über vielen Plant -Genom -Datenbanken werden innerhalb des Transplantationsprojekts bereitgestellt.	
19. Schlagwörter PlantsDB, Plant genome database, Triticeae genomes, GenomeZipper, CrowsNest synten browser, transPLANT	
20. Verlag Springer New York	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9783319925288	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Gene Prediction in the Barley Genome	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Twardziok, Sven O.; Gundlach, Heidrun; Lux, Thomas; Hedley, Pete E.; Bayer, Micha; Platzer, Matthias; Groth, Marco; Waugh, Robbie; Spannagl, Manuel	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 19.08.2018
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 16
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 23
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Die Genvorhersage in großen und stark repetitiven Grasgenomen wie Gerste wird durch eine große Anzahl transponierbarer Elemente (TEs), Pseudogene und oft unvollständige oder nicht/fehlerorientierte genomische Sequenz kompliziert. In diesem Kapitel beschreiben wir die automatisierte Pipeline für Genvorhersage und Annotation, die für die neueste Gerstenreferenzgenomsequenz verwendet wird, sowie die genomischen Beweise zur Vorhersage von Genmodellen. Zusätzliche Themen decken die (automatisierte) funktionale Annotation, die Bewertung der Genmodelle und eine umfassende Diskussion über Mängel der aktuellen Annotation und Möglichkeiten zur weiteren Verbesserung ab.	
19. Schlagwörter Barley gene prediction, Barley annotation, Barley genes	
20. Verlag Springer International Publishing	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9783319925288	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The Repetitive Landscape of the Barley Genome	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Schulman, Alan H.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 19.08.2018
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 16
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 42
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Während transponierbare Elemente (TEs) den Großteil der pflanzlichen genomischen DNA umfassen, ist die Art und Weise, wie sie zur Genomstruktur und -organisation beitragen, immer noch schlecht bekannt. Insbesondere in großen Genomen, in denen TEs die Mehrheit der genomischen DNA machen, ist es immer noch unklar, ob TEs spezifische Chromosomenregionen abzielen oder ob sie sich einfach dort ansammeln, wo sie am besten toleriert werden. Das Gerstengenom mit seiner enormen sich wiederholenden Fraktion ist ein ideales System zur Untersuchung der chromosomalen Organisation und der Entwicklung von TES. Gene machen nur etwa 2 % des Genoms, während über 80 % von TES abgeleitet sind. Die TE -Fraktion besteht aus mindestens 350 verschiedenen Familien. 50 % des Genoms bestehen jedoch aus nur 15 hochkopischen TE-Familien, während alle anderen TE-Familien in mäßigen oder niedrig kopischen Zahlen vorhanden sind. Das Gerstengenom ist stark kompartimentalisiert, wobei verschiedene Arten von TEs unterschiedliche chromosomale „Nischen“ wie distale, interstitielle oder proximale Regionen von Chromosomenarmen besetzen. Darüber hinaus repräsentiert der Genraum sein eigenes genomisches Kompartiment, das in kleinen nicht autonomen DNA-Transposons angereichert ist, was darauf hindeutet, dass diese TEs spezifisch auf Promotoren und nachgelagerte Regionen abzielen. Einige TE -Familien zeigen auch eine starke Präferenz, in bestimmten Sequenzmotiven einzufügen, was teilweise ihre Verteilung erklären kann. Die familienspezifischen Verteilungsmuster führen zu unterschiedlichen TE-Zusammensetzungen verschiedener chromosomaler Kompartimente.	
19. Schlagwörter Barley Genome, Repetitive Landscape, Transposable Elements, Helitrons, CACTA Elements	
20. Verlag Springer International Publishing	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9783319925288	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Databases and Tools for the Analysis of the Barley Genome	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Beier, Sebastian; Bolser, Daniel M.; Scholz, Uwe; Spannagl, Manuel; Kersey, Paul J.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 19.08.2018
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 42
	14. Tabellen 3
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Immer erhöhten Fortschritte, die in den letzten Jahren in der Gerstengenomsequenzierung zu sehen sind, haben Wissenschaftlern es ermöglicht, Datenbanken und Tools zu generieren, die speziell für die Unterstützung von Forschern und Züchter konzipiert wurden. Sowohl genomische als auch exprimierte Sequenzen wurden durch verschiedene experimentelle Setups erhalten, die von der BAC-Sequenzierung über Illumina iSelect 9K SNP-Chip bis hin zu RNA-Seq bis zur Bildung heterogener Datensätze reichen. Nach Möglichkeit wurden Datensätze vernetzt und in Informationen angereichert, um eine Grundlage für die weitere Forschung zu erstellen. Ensembl -Pflanzen, ein Webportal, das zur Erforschung von Genomdaten für verschiedene Pflanzenarten entwickelt wurde, wurden verwendet, um Unterschiede und Ähnlichkeiten zwischen Gerste und damit verbundenen Arten zu untersuchen. Darüber hinaus wurde der Gerste -Genom -Explorer -Barlex als zentrales Repository und Hub genomischer Sequenzen der Gerstensequenzierungsbemühungen konstruiert. Leistungsstarke Visualisierungen von miteinander verbundenen BACs und anderen Sequenzierungsinformationen ermöglichen es, jede Position zurückzuverfolgen, die die Gerstenreferenzsequenz ausmacht, und helfen beim Verständnis der Verbindung zu anderen Datensätzen. Weitere Tools, die andere Gerstendaten verwenden, werden für spezialisiertere Anwendungsfälle erörtert und beschrieben. Last but not least wird eine Liste von URLs für einen umfassenden Überblick über die Gersten-zentrierte Ressourcen gegeben.</p>	
19. Schlagwörter Barley genome analysis, tools, database	
20. Verlag Springer International Publishing	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9783030833831	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The Gene and Repetitive Element Landscape of the Rye Genome	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Vershinin, Alexander V.; Lux, Thomas; Gundlach, Heidrun; Elisafenko, Evgeny A.; Keilwagen, Jens; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 26.10.2021
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 17
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 48
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>In der Genomik -Ära wurde das Roggengenom von Forschern von Forschern wie keine andere Einheit in der bekanntesten Dreifach -Dreifach -Getreidekulturen im Stamm Triticeae geschenkt: Weizen, Gerste und Roggen. Einige der Gründe für diese Vernachlässigung sind auf die Größe des Genoms von Rye und deren Häufigkeit verschiedener Klassen wiederholter DNA -Sequenzen zurückzuführen. Trotz erheblicher Fortschritte bei den Sequenzierungs- und Montagethoden liegen die meisten seiner genomischen Regionen, die aus wechselnden Familien von Tandem -Wiederholungen und transponierbaren Elementen bestehen, vor den Betrugern wie Uncharted Dungeons. Dieses Kapitel beschreibt die Geschichte der Forschung in die molekulare Organisation des Roggengenoms, von Erkenntnissen in die Struktur der sich wiederholten DNA-Sequenzen bis hin zu den kürzlich veröffentlichten Annotated-Genom-Assemblierung im Chromosomenmaßstab. Im Gegensatz zu früheren Versuchen (Martis et al., Pflanzenzelle 25: 3685–3698, 2013; Bauer et al., Plant J 89: 853–869, 2017), die sich auf einige Teile des Roggengenoms konzentrierten, versucht unsere Geben Sie ein ganzheitliches Verständnis des Genoms dieser wirtschaftlich wichtigen Getreideernte. Zu diesem Zweck werden wir die vollständigsten Klassen von DNA -Sequenzen betrachten und sehen, wie ihre molekulare Struktur und Häufigkeit mit ihren chromosomalen Stellen verbunden sind.</p>	
19. Schlagwörter Rye, repeat space	
20. Verlag Springer International Publishing	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 9781071620670	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The Barley and Wheat Pan-Genomes	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Kamal, Nadia; Lux, Thomas; Jayakodi, Murukarthick; Haberer, Georg; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Mascher, Martin; Spannagl, Manuel	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 16.01.2022
	7. Form der Publikation Buchkapitel
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 13
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 30
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 1
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Um das genetische Potential in Pflanzen freizuschalten, sind Multi-Genom-Vergleiche ein wesentliches Werkzeug. Verringerte Kosten und verbesserte Sequenzierungstechnologien haben die Sequenzierung des Pflanzengenoms demokratisiert und zu einer enormen Zunahme der verfügbaren Referenzsequenzen einerseits geführt und die Zusammenstellung selbst der größten und komplexesten und sich wiederholenden Pflanzengenome wie Weizen und Gerste ermöglicht. Diese Entwicklungen haben in den letzten Jahren zur Ära der Pan-Genomik geführt. Pan-Genom-Projekte ermöglichen die Definition des Kern- und entbehrlichen Genoms für verschiedene Erntearten sowie die Analyse der strukturellen und funktionellen Variation und bieten daher beispiellose Möglichkeiten zur Erforschung und Nutzung der genetischen Grundlage natürlicher Variation der Pflanzen. Das Vergleich, Analysieren und Visualisieren dieser mehrfachen Referenzgenome und deren Vielfalt erfordert leistungsstarke und spezialisierte Rechenstrategien und -instrumente.	
19. Schlagwörter Pan-genome, Cereals, Assembly, Sequencing, Annotation, Genes, Repeats, Polyploidy, PAV, Reference genome, Crops	
20. Verlag Springer US	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1101/351429	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The genome and metabolome of the tobacco tree, <i>Nicotiana glauca</i> : a potential renewable feedstock for the bioeconomy	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Usade, Björn; Tohge, Takayuki; Scossa, Federico; Sierro, Nicolas; Schmidt, Maximilian; Vogel, Alexander; Bolger, Anthony; Kozlo, Amanda; Enfissi, Eugenia M. A.; Morrel, Kris; Regenauer, Manuel; Hallab, Asis; Ruprecht, Colin; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Koram, Yaw; Mayer, Klaus F. X.; Boerjan, Wout; Fraser, Paul D.; Persson, Staffan; Ivanov, Nikolai V.; Fernie, Alisdair R.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 20.06.2018
	7. Form der Publikation Preprint
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 30
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 70
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Hintergrund: Angesichts seiner Toleranz gegenüber Stress und seinem Reichtum, insbesondere sekundäre Metaboliten, wurde der Tabakbaum <i>Nicotiana glauca</i> als vielversprechende Bioraffinerie -Ausgangsmaterial angesehen, das nicht mit Nahrungsmitteln und Futterpflanzen wettbewerbsfähig wäre. Ergebnisse: Hier präsentieren wir eine 3,5 -GBP -Entwurfssequenz und Annotation des Genoms von <i>N. glauca</i> , die 731.465 Gerüstsequenzen mit einer N50 -Größe von ungefähr 92 kbasen überspannen. Darüber hinaus liefern wir eine umfassende Transkriptom- und Metabolom -Analyse der Blattentwicklung, die mehrere Techniken und Plattformen umfasst. Die Genomsequenz wird voraussichtlich fast 80 % der geschätzten Gesamtgenomgröße von <i>N. glauca</i> abdecken. Mit 73.799 vorhergesagten Genen und einem Busco-Score von 94,9 % haben wir die Mehrheit der gen-reichen Regionen erfolgreich zusammengestellt. RNA-Seq-Daten zeigten Stadien- und/oder gewebespezifische Expression von Genen, und wir haben einen allgemeinen Trend einer Abnahme von Tricarbonsäuremetaboliten und einer Zunahme von Terpenoiden sowie einigen ihrer entsprechenden Transkripte während der Blattentwicklung bestimmt. Schlussfolgerung: Das Genom von <i>N. glauca</i> und sein detailliertes Transkriptom bilden zusammen mit gepaarten Metabolitendaten eine Ressource für zukünftige Studien zur wertvollen Verbindungsanalyse bei Tabakarten und präsentieren die ersten Schritte in Richtung einer weiteren Auflösung phylogenetischer, ganzer Genomstudien an Tabak.	
19. Schlagwörter Toabcco tree, draft assembly	
20. Verlag Cold Spring Harbor Laboratory	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1101/2022.05.08.491073	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Chromosome-scale assembly of the lablab genome - A model for inclusive orphan crop genomics	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Njaci, Isaac; Waweru, Bernice; Kamal, Nadia; Muktar, Meki Shehabu; Fisher, David; Gundlach, Heidrun; Muli, Collins; Muthui, Lucy; Maranga, Mary; Kiambi, Davies; Maass, Brigitte L.; Emmrich, Peter M. F.; Entfellner, Jean-Baka Domelevo; Spannagl, Manuel; Chapman, Mark A.; Shorinola, Oluwaseyi; Jones, Chris S.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 10.05.2022
	7. Form der Publikation Preprint
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 29
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 97
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Orphan-Pflanzen (auch als nicht genutzte und vernachlässigte Pflanzen beschrieben) sind den Schlüssel zu diversifizierten und klimafarbenen Lebensmittelsystemen. Nach jahrzehntelangen Vernachlässigung sammelt die Genomsequenzierung von Waisepflanzen Tempo und liefert die Grundlagen für ihre beschleunigte Domestizierung und Verbesserung. Die jüngste Aufmerksamkeit hat sich jedoch der groben Unterrepräsentation von Forschern in Afrika bei den Genomsequenzierungsbemühungen ihrer indigenen Waisepflanzen zugewandt. Hier berichten wir über einen radikal umfassenden Ansatz zur Waisenerntegenomik unter Verwendung von Lablab Purpureus (L.) Sweet (Syn. Dolichos Lablab oder Hyacinth Bean) - eine Hülsenfrüchte, die in Afrika heimisch ist und während der gesamten Tropen für Nahrung und Futter kultiviert wird. Unsere afrikanische Zusammenarbeit mit dem South-North-Pflanzengenom führte zu einer hochwertigen Chromosomesomesomesomescale-Anordnung des Lablab-Genoms-des ersten in Afrikas lokal sequenzierten Pflanzengenoms-Assemblierung im Chromosomenmaßstab. Wir haben auch die kultivierten und wilden Akzessionen von Lablab aus Afrika erneut ausgelöst, die zwei Domestizierungsereignisse bestätigten und die genetische Vielfalt des in Afrikas konservierten Lablab-Keimplasmas untersuchten. Unser Ansatz bietet eine wertvolle Ressource für die Verbesserung von Lablablabern und bietet auch ein Modell, das von anderen Forschern untersucht werden könnte, die indigene Pflanzen insbesondere aus Ländern mit niedrigem und mittlerem Einkommen (LMIC) sequenzieren.</p>	
19. Schlagwörter Genome assembly, Lablab purpureus, hyacinth bean, orphan crop, genetic diversity	
20. Verlag Cold Spring Harbor Laboratory	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/nar/gkv1130	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel PGSB PlantsDB: updates to the database framework for comparative plant genome research	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Spannagl, Manuel; Nussbaumer, Thomas; Bader, Kai C.; Martis, Mihaela M.; Seidel, Michael; Kugler, Karl G.; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 02.11.2015
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 7
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 24
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung PGSB (Plant Genom and Systems Biology: Ehemals MIPS) PlantsDB (http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/index.jsp) ist ein Datenbankrahmen für die vergleichende Analyse und Visualisierung von Pflanzengenomdaten. Die Ressource wurde mit neuen Datensätzen und -typen sowie speziellen Tools und Schnittstellen aktualisiert, um den Benutzeranforderungen nach intuitivem Zugriff auf komplexe Anlagengenomdaten zu erfüllen. In seiner jüngsten Inkarnation haben wir sowohl die Layout- als auch die Navigationsstruktur überarbeitet und neue Optionen für Keyword-Suchfunktionen sowie eine neue Suchfunktionalität des BLAST-Sequenz implementiert. PplantsDB ist aktiv an der entsprechenden Sequenzierungskonsortie beteiligt und hat besondere Anstrengungen für die Integration und Visualisierung komplexer Triticeae -Genomdaten, insbesondere für Gerste, Weizen und Roggen, bestrebt. Wir haben Crownsnest, ein Tool zur Visualisierung von syntenischen Beziehungen zwischen Genomen, mit Daten aus dem Wheat-Subgenom-Vorläufer Aegilops tausschii verbessert und dem PGSB RNaseQExpressionBrowser Funktionalität hinzugefügt. Die Genomezipperergebnisse wurden für die Genome von Gerste, Roggen, Weizen und mehrjährigem Ryegrass integriert, und der interaktive Zugang wird durch Pflanzen -Grenzflächen gewährt. Der Datenaustausch und die Vernetzung zwischen PlantsDB und anderen Pflanzengenomdatenbanken werden durch das Transplantationsprojekt (http://transplantdb.eu/) stimuliert.	
19. Schlagwörter plant genome database	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1111/nph.14110	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Rye B chromosomes encode a functional Argonaute-like protein with in vitro slicer activities similar to its A chromosome paralog	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Ma, Wei; Gabriel, Tobias Sebastian; Martis, Mihaela Maria; Gursinsky, Torsten; Schubert, Veit; Vrána, Jan; Doležel, Jaroslav; Grundlach, Heidrun; Altschmied, Lothar; Scholz, Uwe; Himmelbach, Axel; Behrens, Sven-Erik; Banaei-Moghaddam, Ali Mohammad; Houben, Andreas	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 28.07.2016
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 13
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 76
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung B -Chromosomen (BS) sind überzählige, entbehrliche Teile des Kerngenoms, die in vielen verschiedenen Eukaryote -Arten auftreten. Bisher wurden BS als genetisch inerte Elemente ohne funktionelle Gene angesehen. Unsere vergleichende Transkriptomanalyse und der Nachweis von aktiven RNA -Polymerase II (RNAPII) in der Nähe von B -Chromatin zeigen, dass die BS von Roggen (<i>Secale Cereale</i>) zum Transkriptom beitragen. Insgesamt wurden 1954 und 1218 B-abgeleitete Transkripte mit einem offenen Leserahmen in generativen bzw. vegetativen Geweben ausgedrückt. Zusätzlich zu B-abgeleiteten transponierbaren Elementtranskripten wurden ein hoher Prozentsatz kurzer Transkripte ohne nachweisbare Ähnlichkeit mit bekannten Proteinen und Genfragmenten aus einem Chromosomen (AS) gefunden, was auf einen fortlaufenden Gen-Erosionsprozess hinweist. Die In-vitro-Analyse der A- und B-codierten AGO4B-Proteinvarianten zeigte, dass beide RNA-Slicer-Aktivität besitzen. Diese Daten zeigen eindeutig das Vorhandensein eines funktionellen AGO4B -Gens auf BS und dass diese BS sowohl funktionelle Protein -kodierende Gene als auch Pseudogenkopien tragen. Daher können B-codierte Gene in Kombination mit ihren verwandten a-gelegenen Genen ein zusätzliches Maß an Genkontrolle und Komplexität liefern. Daher können physiologische Wirkungen, die mit dem Vorhandensein von BS assoziiert sind, teilweise durch die Aktivität von B-gelegenen (Pseudo-) Genen erklärt werden.	
19. Schlagwörter Argonaute, B chromosomes, B-located genes, gene erosion, gene expression, pseudogenization, <i>Secale cereale</i>	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1111/tpj.13436	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Towards a whole-genome sequence for rye (<i>Secale cereale</i> L.)	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Bauer, Eva; Schmutzer, Thomas; Barilar, Ivan; Mascher, Martin; Gundlach, Heidrun; Martis, Mihaela M.; Twardziok, Sven O.; Hackauf, Bernd; Gordillo, Andres; Wilde, Peer; Schmidt, Malthe; Korzun, Viktor; Mayer, Klaus F. X.; Schmid, Karl; Schön, Chris-Carolin; Scholz, Uwe	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 08.02.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 17
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 100
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Wir berichten über eine Entwurfssequenz von Roggen (<i>Secale Cereale</i> L.). Rye ist eine diploide Triticeae -Art, die eng mit Weizen und Gerste verwandt ist, und eine wichtige Ernte für Nahrung und Futter in Mittel- und Osteuropa. Durch die Schrotflinte-Sequenzierung des Ganz-Genoms des 7,9-GBP-Genoms der Inzuchtlinie von Winter Roggen haben wir eine De-novo-Baugruppe erhalten, die durch 1,29 Millionen Gerüste dargestellt wurde, die eine Gesamtlänge von 2,8 GBP bedeckten. Unsere Referenzsequenz repräsentiert nahezu den gesamten Teile des Roggengenoms. Diese Genomanordnung wurde verwendet, um 27 784 Roggengenmodelle auf der Grundlage der Homologie für sequenzierte Grasgenome vorherzusagen. Durch die Wiederausgleichung von 10 Roggen -Inzuchtlinien und einem Beitritt des Wild Relativs <i>S. vavilovii</i> entdeckten wir mehr als 90 Millionen einzelne Nukleotidvarianten und kurze Insertionen/Deletionen im Roggengenom. Aus diesen Varianten entwickelten wir das Genotypisierungsarray mit hoher Dichte Rye600K mit 600 843 Markern, die es ermöglichten, die Sequenz-Contigs entlang einer genetischen Karte mit hoher Dichte zu verankern und eine synteniebasierte virtuelle Genordnung zu etablieren. Genotypisierungsdaten wurden verwendet, um die Vielfalt von Roggenzuchtpools und genetischen Ressourcen zu charakterisieren und eine genomweite Karte von Selektionssignalen zu erhalten, die die unterschiedlichen Genpools differenzieren. Diese Roggen-Gesamtgenomsequenz schließt eine Lücke in der Genomforschung von Triticeae und wird für vergleichende Genomik, funktionelle Studien und genom-basierte Züchtung in Roggen von großer Bedeutung sein.</p>	
19. Schlagwörter Secale cereale L., rye, whole-genome shotgun sequencing, de novo genome assembly, single nucleotide variants, Rye600k genotyping array, high-density genetic map, rye genome zipper, diversity, selection signals	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1101/gr.217117.116	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel An improved assembly and annotation of the allohexaploid wheat genome identifies complete families of agronomic genes and provides genomic evidence for chromosomal translocations	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Clavijo, Bernardo J.; Venturini, Luca; Schudoma, Christian; Accinelli, Gonzalo Garcia; Kaithakottil, Gemy; Wright, Jonathan; Borrill, Philippa; Kettleborough, George; Heavens, Darren; Chapman, Helen; Lipscombe, James; Barker, Tom; Lu, Fu-Hao; McKenzie, Neil; Raats, Dina; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Coince, Aurore; Peel, Ned; Percival-Alwyn, Lawrence; Duncan, Owen; Trösch, Josua; Yu, Guotai; Bolser, Dan M.; Namaati, Guy; Kerhornou, Arnaud; Spannagl, Manuel; Gundlach, Heidrun; Haberer, Georg; Davey, Robert P.; Fosker, Christine; Palma, Federica Di; Phillips, Andrew L.; Millar, A. Harvey; Kersey, Paul J.; Uauy, Cristobal; Krasileva, Ksenia V.; Swarbreck, David; Bevan, Michael W.; Clark, Matthew D.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 18.04.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 13
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 63
	14. Tabellen 4
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Fortschritte in der Genomsequenzierung und der Assemblierungstechnologien erzeugen viele hochwertige Genomsequenzen, aber die Ansammlungen großer, wiederholtreicher polyploiden Genome wie dem von Brotweizen bleiben fragmentiert und unvollständig. Wir haben einen neuen Weizen-Ganz-Genom-Schrotflinten-Sequenz-Assembly unter Verwendung einer Kombination optimierter Datentypen und einem Assembly-Algorithmus generiert, das mit großen und komplexen Genomen ausgestattet ist. Die neue Montage repräsentiert $\{ \text{Greater} \} 78 \%$ des Genoms mit einem Gerüst N50 von 88,8 kb, das eine hohe Treue zu den Eingabedaten aufweist. Unsere neue Annotation kombiniert strangspezifische Illumina-RNA-Seq- und Pacific Biosciences (PacBio) CDNAs in voller Länge, um 104.091 hochkonfidenz-Protein-kodierende Gene und 10.156 nichtkodierende RNA-Gene zu identifizieren. Wir bestätigten drei bekannte und identifizierte eine neue Genomumlagerung. Unser Ansatz ermöglicht den schnellen und skalierbaren Zusammenbau von Weizengenomen, die Identifizierung von Strukturvarianten und die Definition vollständiger Genmodelle, alle leistungsstarken Ressourcen für die Merkmalsanalyse und die Zucht dieser wichtigen globalen Ernte.	
19. Schlagwörter improved wheat assembly	
20. Verlag Cold Spring Harbor Laboratory	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/nature22043	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung	
3. Titel A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome		
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Mascher, Martin; Gundlach, Heidrun; Himmelbach, Axel; Beier, Sebastian; Twardziok, Sven O.; Wicker, Thomas; Radchuk, Volodymyr; Dockter, Christoph; Hedley, Pete E.; Russell, Joanne; Bayer, Micha; Ramsay, Luke; Liu, Hui; Haberer, Georg; Zhang, Xiao-Qi; Zhang, Qisen; Barrero, Roberto A.; Li, Lin; Taudien, Stefan; Groth, Marco; Felder, Marius; Hastie, Alex; Šimková, Hana; Staňková, Helena; Vrána, Jan; Chan, Saki; Muñoz-Amatriaín, María; Ounit, Rachid; Wanamaker, Steve; Bolser, Daniel; Colmsee, Christian; Schmutzer, Thomas; Aliyeva-Schnorr, Lala; Grasso, Stefano; Tanskanen, Jaakko; Chailian, Anna; Sampath, Dharanya; Heavens, Darren; Clissold, Leah; Cao, Sujie; Chapman, Brett; Dai, Fei; Han, Yong; Li, Hua; Li, Xuan; Lin, Chongyun; McCooke, John K.; Tan, Cong; Wang, Penghao; Wang, Songbo; Yin, Shuya; Zhou, Gaofeng; Poland, Jesse A.; Bellgard, Matthew I.; Borisjuk, Ljudmilla; Houben, Andreas; Doležel, Jaroslav; Ayling, Sarah; Lonardi, Stefano; Kersey, Paul; Langridge, Peter; Muehlbauer, Gary J.; Clark, Matthew D.; Caccamo, Mario; Schulman, Alan H.; Mayer, Klaus F. X.; Platzer, Matthias; Close, Timothy J.; Scholz, Uwe; Hansson, Mats; Zhang, Guoping; Braumann, Ilka; Spannagl, Manuel; Li, Chengdao; Waugh, Robbie; Stein, Nils	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021	
		6. Veröffentlichungsdatum 26.04.2017
		7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -	
		10. Förderkennzeichen 031A536B
		11. Seitenzahl 10
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 99	
		14. Tabellen 1
		15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben		
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)		
18. Kurzfassung Getreidegräser des Triticeae -Stammes sind seit Beginn der Landwirtschaft die Hauptnahrungsquelle in gemäßigten Regionen. Ihre großen Genome sind durch einen hohen Gehalt an sich wiederholenden Elementen und großen pericentromeren Regionen gekennzeichnet, die praktisch ohne meiotische Rekombination sind. Hier präsentieren wir eine hochwertige Referenzgenomanordnung für Gerste (<i>Hordeum vulgare</i> L.). Wir verwenden die Chromosomenkonformations -Capture -Mapping, um die lineare Reihenfolge der Sequenzen im pericentromeren Raum abzuleiten und die räumliche Organisation von Chromatin im Kern bei der Megabase -Auflösung zu untersuchen. Die Zusammensetzung von Genen und sich wiederholenden Elementen unterscheidet sich zwischen distalen und proximalen Regionen. Die Analysen der Genfamilie zeigen linienspezifische Duplikationen von Genen, die am Transport von Nährstoffen in die Entwicklung von Samen und die Mobilisierung von Kohlenhydraten in Körnern beteiligt sind. Wir zeigen die Bedeutung der Gerstenreferenzsequenz für die Zucht, indem wir die genomische Aufteilung der Sequenzvariation im modernen Elite -Keimplasma inspizieren und Regionen hervorheben, die für die genetische Erosion anfällig sind.		
19. Schlagwörter Agricultural genetics, DNA sequencing, Genome, Natural variation in plants, Plant genetics		
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt	

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1126/science.aan0032	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Avni, Raz; Nave, Moran; Barad, Omer; Baruch, Kobi; Twardziok, Sven O.; Gundlach, Heidrun; Hale, Iago; Mascher, Martin; Spannagl, Manuel; Wiebe, Krystalee; Jordan, Katherine W.; Golan, Guy; Deek, Jasline; Ben-Zvi, Batsheva; Ben-Zvi, Gil; Himmelbach, Axel; MacLachlan, Ron P.; Sharpe, Andrew G.; Fritz, Allan; Ben-David, Roi; Budak, Hikmet; Fahima, Tzion; Korol, Abraham; Faris, Justin D.; Hernandez, Alvaro; Mikel, Mark A.; Levy, Avraham A.; Steffenson, Brian; Maccaferri, Marco; Tuberosa, Roberto; Cattivelli, Luigi; Faccioli, Primetta; Ceriotti, Aldo; Kashkush, Khalil; Pourkheirandish, Mohammad; Komatsuda, Takao; Eilam, Tamar; Sela, Hanan; Sharon, Amir; Ohad, Nir; Chamovitz, Daniel A.; Mayer, Klaus F. X.; Stein, Nils; Ronen, Gil; Peleg, Zvi; Pozniak, Curtis J.; Akhunov, Eduard D.; Distelfeld, Assaf	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 07.07.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 4
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 57
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Weizen (<i>Triticum</i> spp.) ist eine der Gründerpflanzen, die wahrscheinlich vor mehr als 10.000 Jahren den neolithischen Übergang zu sitzenden Agrargesellschaften in dem fruchtbaren Halbmond getreten hat. Das Erkennen genetischer Modifikationen, die der Domestizierung von Weizen zugrunde liegen, erfordert Kenntnisse über das Genom seines Allo-Tetraploid-Vorläufers Wild Emmer (<i>T. Turgidum</i> ssp. <i>Dicoccoides</i>). Wir berichten über eine 10,1-Gigabase-Anordnung der 14 Chromosomen von Wildtetraploidweizen sowie Analysen des Gengehalts, der Genomarchitektur und der genetischen Vielfalt. Mit diesem vollständig zusammengebauten polyploiden Weizengenom identifizierten wir die kausalen Mutationen in spröden Rachis 1 (TTBTR1) - Genen, die das Zerbrechen kontrollieren, ein wichtiges Domestikationsmerkmal. Eine Studie zur genomischen Vielfalt zwischen wilden und domestizierten Akzessionen ergab genomische Regionen mit der Signatur der Selektion unter Domestizierung. Diese Referenzversammlung dient als Ressource zur Beschleunigung der genomunterstützten Verbesserung moderner Weizensorten.	
19. Schlagwörter wild emmer reference genome	
20. Verlag American Association for the Advancement of Science (AAAS)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/nature24486	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Genome sequence of the progenitor of the wheat D genome Aegilops tauschii	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Luo, Ming-Cheng; Gu, Yong Q.; Puiu, Daniela; Wang, Hao; Twardziok, Sven O.; Deal, Karin R.; Huo, Naxin; Zhu, Tingting; Wang, Le; Wang, Yi; McGuire, Patrick E.; Liu, Shuyang; Long, Hai; Ramasamy, Ramesh K.; Rodriguez, Juan C.; Van, Sonny L.; Yuan, Luxia; Wang, Zhenzhong; Xia, Zhiqiang; Xiao, Lichan; Anderson, Olin D.; Ouyang, Shuhong; Liang, Yong; Zimin, Aleksey V.; Pertea, Geo; Qi, Peng; Bennetzen, Jeffrey L.; Dai, Xiongtao; Dawson, Matthew W.; Müller, Hans-Georg; Kugler, Karl; Rivarola-Duarte, Lorena; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Lu, Fu-Hao; Bevan, Michael W.; Leroy, Philippe; Li, Pingchuan; You, Frank M.; Sun, Qixin; Liu, Zhiyong; Lyons, Eric; Wicker, Thomas; Salzberg, Steven L.; Devos, Katrien M.; Dvořák, Jan	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 01.11.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 10
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 76
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Eine Kombination aus fortgeschrittenen Sequenzierungs- und Mapping -Techniken wird verwendet, um ein Referenzgenom von Aegilops tauschii, dem Vorläufer des Weizen -Genoms, zu erzeugen und eine wertvolle Ressource für vergleichende genetische Studien zu bieten.	
19. Schlagwörter Genome evolution, Plant evolution	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1016/j.jbiotec.2017.06.003	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel From plant genomes to phenotypes	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Bolger, Marie; Schwacke, Rainer; Gundlach, Heidrun; Schmutzer, Thomas; Chen, Jinbo; Arend, Daniel; Oppermann, Markus; Weise, Stephan; Lange, Matthias; Fiorani, Fabio; Spannagl, Manuel; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus; Usadel, Björn	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 15.11.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 7
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 80
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 1
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Jüngste Fortschritte bei Sequenzierungstechnologien haben die Rate des Pflanzengenoms und die angewandte Zuchtforschung erheblich beschleunigt. Trotz dieses fortschreitenden Trends weisen Pflanzengenome weiterhin zahlreiche Schwierigkeiten für die Standardwerkzeuge und Pipelines auf, nicht nur für die Genomanordnung, sondern auch für die Annotation der Gene und die nachgeschaltete Analyse. Hier geben wir eine Perspektive auf Tools, Ressourcen und Dienstleistungen, die zum Zusammenbau und Analyse von Pflanzengenomen erforderlich sind und sie mit Pflanzenphänotypen verbinden.	
19. Schlagwörter Plant genomes, Plant bioinformatics, Plant genome annotation, Phenotyping	
20. Verlag Elsevier BV	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1016/j.jbiotec.2017.07.006	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Bioinformatics in the plant genomic and phenomic domain: The German contribution to resources, services and perspectives	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Schmutzer, Thomas; Bolger, Marie E.; Rudd, Stephen; Chen, Jinbo; Gundlach, Heidrun; Arend, Daniel; Oppermann, Markus; Weise, Stephan; Lange, Matthias; Spannagl, Manuel; Usadel, Björn; Mayer, Klaus F. X.; Scholz, Uwe	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 15.11.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 9
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 47
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Pflanzengenetische Ressourcen sind eine wesentliche Chance für die Pflanzenzüchtung, Erhaltung und Aufrechterhaltung der biologischen Vielfalt. Im Rahmen des deutschen Netzwerks für die Bioinformatikinfrastruktur (DE.NBI) konzentriert sich das deutsche Crop BiogreenFormatics Network (GCBN) hauptsächlich auf Pflanzenanlagen und bietet sowohl Daten- als auch Software -Infrastruktur, die auf die Bedürfnisse der Anlagenforschungsgemeinschaft zugeschnitten sind. Unsere Missions- und Hauptziele umfassen: (1) Bereitstellung des transparenten Zugangs zu Keimplasma -Samen, (2) die Abgabe verbesserter Workflows für Annotation von Pflanzengen und (3) Implementierung von Bioinformatikdiensten, die Genotypen und Phänotypen verknüpfen. In dieser Übersicht wird das GCBN-Spektrum von Web-Services und integrierten Datenressourcen vorgestellt, die gemeinsame Forschungsprobleme in der Plant-Genomics-Community behandeln.	
19. Schlagwörter Plant genomics, Plant bioinformatics, Plant genetic resources, Plant data publication, Plant phenomics	
20. Verlag Elsevier BV	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1186/s13100-017-0102-3	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The repetitive landscape of the 5100 Mbp barley genome	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Wicker, Thomas; Schulman, Alan H.; Tanskanen, Jaakko; Spannagl, Manuel; Twardziok, Sven; Mascher, Martin; Springer, Nathan M.; Li, Qing; Waugh, Robbie; Li, Chengdao; Zhang, Guoping; Stein, Nils; Mayer, Klaus F. X.; Gundlach, Heidrun	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 20.12.2017
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 16
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 38
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 8
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Hintergrund: Während transponierbare Elemente (TEs) den Großteil der pflanzlichen genomischen DNA umfassen, ist die Art und Weise, wie sie zur Genomstruktur und -organisation beitragen, immer noch schlecht verstanden. Insbesondere in großen Genomen, bei denen TEs die Mehrheit der genomischen DNA machen, ist es immer noch unklar, ob TEs spezifische Chromosomenregionen abzielen oder ob sie sich einfach ansammeln, wo sie am besten toleriert werden. Ergebnisse: Hier präsentieren wir eine Analyse des sich wiederholenden Anteils des 5100-MB-Gerstengenoms, des größten Angiosperm-Genoms für eine nahezu vollständige Sequenzanordnung. Gene machen nur etwa 2% des Genoms, während über 80% von TES abgeleitet sind. Die TE -Fraktion besteht aus mindestens 350 verschiedenen Familien. 50% des Genoms bestehen jedoch aus nur 15 hochkopischen TE-Familien, während alle anderen TE-Familien in moderaten oder niedrigen Kopienzahlen vorhanden sind. Wir fanden heraus, dass das Gerstengenom mit verschiedenen Arten von TEs, die verschiedene chromosomale „Nischen“ besetzen, wie distale, interstitielle oder proximale Regionen von Chromosomenarmen, stark kompartimentalisiert. Darüber hinaus repräsentiert der Genraum sein eigenes genomisches Kompartiment, das in kleinen nicht autonomen DNA-Transposons angereichert ist, was darauf hindeutet, dass diese TEs spezifisch auf Promotoren und nachgelagerte Regionen abzielen. Darüber hinaus ist ihre Anwesenheit in Genpromotoren mit verringerten Methylierungsniveaus verbunden. Schlussfolgerungen: Unsere Daten zeigen, dass TEs Hauptdeterminanten für die Gesamtchromosomenstruktur sind. Wir nehmen an, dass viele der verschiedenen chromosomalen Verteilungsmuster das Ergebnis von TE -Familien sind, die auf bestimmte Nischen abzielen, anstatt sich zu akkumulieren, wo sie die am wenigsten schädlichen Wirkungen haben.	
19. Schlagwörter Barley Genome, Repetitive Landscape, Methylation Levels, Transposable Elements, Helitrons	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1111/tpj.13794	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The pseudogenes of barley	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Prade, Verena M.; Gundlach, Heidrun; Twardziok, Sven; Chapman, Brett; Tan, Cong; Langridge, Peter; Schulman, Alan H.; Stein, Nils; Waugh, Robbie; Zhang, Guoping; Platzer, Matthias; Li, Chengdao; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 07.01.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 13
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 55
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 7
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Pseudogene haben den Ruf, „evolutionäre Relikte“ oder „Junk -DNA“ zu sein. Während sie in Säugetieren gut charakterisiert sind, wurden Studien in komplexeren Pflanzengenomen bisher durch das Fehlen von Referenzgenomsequenzen behindert. Gerste ist eines der wirtschaftlich wichtigsten Getreide und hat eine Genomgröße von 5,1 GB. Mit der ersten hochwertigen Genomreferenzanordnung, die für eine Triticeae-Ernte verfügbar ist, haben wir eine Bewertung von Pseudogenen im gesamten Genom am Gerstengenom durchgeführt. Wir identifizierten, charakterisierten und klassifizierten 89 440 -Genfragmente und Pseudogene, die entlang der Chromosomen verstreut waren, mit gelegentlichen Hotspots und höheren Dichten an den Chromosomenenden. Pseudogene in voller Länge (11 015) haben ihre Exon-Intron-Struktur bevorzugt beibehalten. Die Retrotransposition von verarbeiteten mRNAs spielt nur eine marginale Rolle in ihrer Schöpfung. Die Verteilung von retroponierten Pseudogenen spiegelt jedoch die RABL -Konfiguration von Gerstenchromosomen wider und deutet daher auf Gründungsmechanismen hin. Während sich die mit der Verteidigung reagierten übergeordneten Gene in kultivierter Gerste als unterrepräsentiert befunden haben, wirkung wir in wilden Gerstenbeholdern mehrere verteidigungsbedingte Pseudogene. Der Prozentsatz der transkriptionell aktiven Pseudogene beträgt 7,2 \%, und diese können möglicherweise neue regulatorische Rollen übernehmen. Das Gerstengenom ist reich an Pseudogenen und kleinen Genfragmenten, die sich hauptsächlich in Richtung Chromosomenspitzen oder als tandem wiederholte Einheiten befinden. Unsere Ergebnisse weisen auf Nicht-Strand-Duplikation und Pseudogenisierungspräferenzen hin und verbessern unser Verständnis der Dynamik von Gengeburt und Tod in großen Pflanzengenomen und der Mechanismen, die zu evolutionären Innovationen führen.</p>	
19. Schlagwörter pseudogenes, barley, Hordeum vulgare, plants, gene fragments, gene evolution	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1111/tpj.13801	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The Physcomitrella patens chromosome-scale assembly reveals moss genome structure and evolution	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Lang, Daniel; Ullrich, Kristian K.; Murat, Florent; Fuchs, Jörg; Jenkins, Jerry; Haas, Fabian B.; Piednoel, Mathieu; Gundlach, Heidrun; Van Bel, Michiel; Meyberg, Rabea; Vives, Cristina; Morata, Jordi; Symeonidi, Aikaterini; Hiss, Manuel; Muchero, Wellington; Kamisugi, Yasuko; Saleh, Omar; Blanc, Guillaume; Decker, Eva L.; van Gessel, Nico; Grimwood, Jane; Hayes, Richard D.; Graham, Sean W.; Gunter, Lee E.; McDaniel, Stuart F.; Hoernstein, Sebastian N. W.; Larsson, Anders; Li, Fay-Wei; Perroud, Pierre-François; Phillips, Jeremy; Ranjan, Priya; Rokshar, Daniel S.; Rothfels, Carl J.; Schneider, Lucas; Shu, Shengqiang; Stevenson, Dennis W.; Thümmler, Fritz; Tillich, Michael; Villarreal Aguilar, Juan C.; Widiez, Thomas; Wong, Gane Ka-Shu; Wymore, Ann; Zhang, Yong; Zimmer, Andreas D.; Quatrano, Ralph S.; Mayer, Klaus F. X.; Goodstein, David; Casacuberta, Josep M.; Vandepoele, Klaas; Reski, Ralf; Cumming, Andrew C.; Tuskan, Gerald A.; Maumus, Florian; Salse, Jérôme; Schmutz, Jeremy; Rensing, Stefan A.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 19.01.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 19
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 99
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Das Entwurf des Genoms des Moosmodells, Physcomitrella Patens, umfasste ungefähr 2000 ungeordnete Gerüste. Um Analysen der Genomstruktur und -entwicklung zu aktivieren, haben wir eine Genomanordnung im Chromosomen im Maßstab unter Verwendung genetischer Verknüpfung sowie (End) Sequenzierung langer DNA-Fragmente erzeugt. Wir stellen fest, dass 57 % des Genoms transponierbare Elemente (TEs) umfasst, von denen einige während des Lebenszyklus aktiv umgehen können. Im Gegensatz zu Blütenpflanzengenomen zeigen Gen- und TE-reiche Regionen eine insgesamt gleichmäßige Verteilung entlang der Chromosomen. Die Chromosomen sind jedoch mono-zentriert mit Peaks einer Klasse von Copia-Elementen, die möglicherweise mit Zentromeren zusammenfallen. Die Methylierung des Genkörpers zeigt sich in 5,7 % der proteinkodierenden Gene, was typischerweise mit niedrigem GC und niedriger Expression zusammenfällt. Einige riesige Virusinsertionen sind transkriptionell aktiv und schützen Gameten vor viraler Infektionen durch siRNA-vermittelte Stummschaltung. Strukturbasierte Nachweismethoden zeigen, dass sich das Genom über zwei Runden von ganzen Genom-Duplikationen (WGDs) entwickelt hat, die offenbar bei Moosen häufig sind, jedoch nicht in Leberkraut und Hornworts. Mehrere hundert Gene sind in kolinearen Regionen vorhanden, die seit dem letzten gemeinsamen Vorfahren von Pflanzen konserviert sind. Diese syntenischen Regionen sind für Funktionen im Zusammenhang mit pflanzspezifischem Zellwachstum und Gewebeorganisation angereichert. Dem P. patens-Genom fehlt die für die meisten blühenden Pflanzengenome typischen TE-reichen pericentromeren und gen-reichen distalen Regionen. Weitere nicht gesetzte Pflanzengenome sind erforderlich, um die Entwicklung von Pflanzengenomen zu enträtseln und zu verstehen, ob die Genomstruktur der P. patens für Mooses oder Bryophyten typisch ist.</p>	
19. Schlagwörter evolution, genome, chromosome, plant, moss, methylation, duplication, syteny, Physcomitrella patens	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1186/s12859-018-2203-5	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Combining RNA-seq data and homology-based gene prediction for plants, animals and fungi	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Keilwagen, Jens; Hartung, Frank; Paulini, Michael; Twardziok, Sven O.; Grau, Jan	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 30.05.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 39
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Hintergrund: Genomannotation ist in vielen Forschungsfragen von entscheidender Bedeutung. Die Identifizierung von proteinkodierenden Genen basiert häufig auf Transkriptom-Sequenzierungsdaten, AB-Initio oder homologiebasierter Vorhersage. Kürzlich wurde gezeigt, dass die Intron-Positionskonservierung die homologische Genvorhersage verbessert und dass experimentelle Daten die AB-Initio-Genvorhersage verbessert. Ergebnisse: Hier präsentieren wir eine Erweiterung des Gemoms des Genvorhersageprogramms, das die Erhaltung der Aminosäuresequenz, die Intronpositionserhaltung und die optional RNA-Seq-Daten zur homologischen Genvorhersage verwendet. Wir zeigen in veröffentlichten Benchmark-Daten für Pflanzen, Tiere und Pilze, dass GEMOMO eine bessere Leistung als die Gen-Prediction-Programme Braker1, Maker2 und Codingquarry sowie rein rNA-seq-basierte Pipelines für die Transkriptidentifikation. Darüber hinaus zeigen wir, dass die Verwendung mehrerer Referenzorganismen dazu beitragen kann, die Leistung von Gemomom weiter zu verbessern. Schließlich wenden wir Gemomom auf vier Nematodenarten und auf das kürzlich veröffentlichte Gerstenreferenzgenom an, was darauf hinweist, dass aktuelle Annotationen von Proteinkodierungsgenen unter Verwendung von Gemomom-Vorhersagen verfeinert werden können. Schlussfolgerungen: Gemoma könnte von großem Nutzen für die Annotation neu sequenzierter Genome, aber auch für das Auffinden von Homologen einer bestimmten Gen- oder Genfamilie sein. Gemoma wurde unter GNU GPL3 veröffentlicht und ist unter http://www.jstacs.de/index.php/gemoma frei erhältlich.</p>	
19. Schlagwörter Homology-based gene prediction, RNA-seq, Genome annotation	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41467-018-04344-z	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Footprints of parasitism in the genome of the parasitic flowering plant <i>Cuscuta campestris</i>	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Vogel, Alexander; Schwacke, Rainer; Denton, Alisandra K.; Usadel, Björn; Hollmann, Julien; Fischer, Karsten; Bolger, Anthony; Schmidt, Maximilian H.-W.; Bolger, Marie E.; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Weiss-Schneeweiss, Hanna; Tensch, Eva M.; Krause, Kirsten	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 28.06.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 5
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 72
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Ein parasitärer Lebensstil, bei dem Pflanzen einige oder alle Nährstoffe aus anderen lebenden Pflanzen beschaffen, hat sich in vielen dicotyledon -Pflanzenfamilien unabhängig weiterentwickelt und ist eine große Bedrohung für die Landwirtschaft weltweit. Trotzdem wurde bisher keine Genomsequenz einer parasitären Pflanze gemeldet. Hier beschreiben wir die Genomsequenz des parasitären Feldes Dodder <i>Cuscuta campestris</i> . Das Genom enthält Signaturen einer ziemlich jüngsten Duplikation des gesamten Genoms und es fehlen Gene für Wege, die einem parasitären Lebensstil überflüssig sind. Insbesondere gehen Gene, die für eine hohe Photosyntheseaktivität benötigt werden, verloren und erklären die niedrigen Photosyntheseraten, die vom Parasiten angezeigt werden. Darüber hinaus gehen mehrere Gene, die an den Nährstoffaufnahme Prozessen aus dem Boden beteiligt sind, verloren. Auf der anderen Seite finden Sie einen Hinweis auf den horizontalen Gentransfer durch genomische DNA -Integration aus den Wirten des Parasiten. Wir schließen daraus, dass der parasitäre Lebensstil charakteristische Fußabdrücke im <i>C. campestris</i> -Genom hinterlassen hat.	
19. Schlagwörter Genome evolution, Plant molecular biology	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1126/science.aat1743	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Phylogenomics reveals multiple losses of nitrogen-fixing root nodule symbiosis	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Griesmann, Maximilian; Chang, Yue; Liu, Xin; Song, Yue; Haberer, Georg; Crook, Matthew B.; Billault-Penneteau, Benjamin; Lauressergues, Dominique; Keller, Jean; Imanishi, Leandro; Roswanjaya, Yuda Purwana; Kohlen, Wouter; Pujic, Petar; Battenberg, Kai; Alloisio, Nicole; Liang, Yuhu; Hilhorst, Henk; Salgado, Marco G.; Hocher, Valerie; Gherbi, Hassen; Svistoonoff, Sergio; Doyle, Jeff J.; He, Shixu; Xu, Yan; Xu, Shanyun; Qu, Jing; Gao, Qiang; Fang, Xiaodong; Fu, Yuan; Normand, Philippe; Berry, Alison M.; Wall, Luis G.; Ané, Jean-Michel; Pawlowski, Katharina; Xu, Xun; Yang, Huanming; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Wong, Gane Ka-Shu; Parniske, Martin; Delaux, Pierre-Marc; Cheng, Shifeng	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 13.07.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 102
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Die Wurzelknotensymbiose von Pflanzen mit Stickstofffixierbakterien beeinflusst die globalen Stickstoffzyklen und die Lebensmittelproduktion, ist jedoch auf eine Untergruppe von Gattungen in einer einzelnen Klade von Blütenpflanzen beschränkt. Um die genetische Basis für dieses verstreute Auftreten zu untersuchen, sequenzierten wir die Genome von 10 Pflanzenarten, die die Vielfalt von Knotenmorphotypen, bakteriellen Symbionten und Infektionsstrategien bedecken. In einer genomweiten vergleichenden Analyse von insgesamt 37 Pflanzenarten entdeckten wir Signaturen mehrerer unabhängiger Funktionsverlustereignisse in der unabdingbaren symbiotischen Regulierungsknoteninception in 10 von 13 Genomen nicht-nodulierender Arten in dieser Klade. Die Entdeckung, dass mehrere unabhängige Verluste die heutige Verteilung der stickstofffixierenden Wurzelknotensymbiose in Pflanzen in Pflanzen geprägt haben, zeigt eine phylogenetisch größere Verteilung in der Evolutionsgeschichte und einen so-barmarnierten Selektionsdruck gegen diese Symbiose.	
19. Schlagwörter nitrogen fixation, nodulation genes, pyhlogenomics	
20. Verlag American Association for the Advancement of Science (AAAS)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1186/s13059-018-1477-2	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Chromosome-scale comparative sequence analysis unravels molecular mechanisms of genome dynamics between two wheat cultivars	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Thind, Anupriya Kaur; Wicker, Thomas; Müller, Thomas; Ackermann, Patrick M.; Steuernagel, Burkhard; Wulff, Brande B. H.; Spannagl, Manuel; Twardziok, Sven O.; Felder, Marius; Lux, Thomas; Mayer, Klaus F. X.; Keller, Beat; Krattinger, Simon G.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 17.08.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 16
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 80
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Hintergrund: Jüngste Verbesserungen der DNA-Sequenzierung und des Genomgerüsts haben den Weg geebnet, um hochwertige De-novo-Ansammlungen von Pseudomolekülen zu erzeugen, die vollständige Chromosomen von Weizen und seinen wilden Verwandten darstellen. Diese Baugruppen bilden die Grundlage, um die Dynamik von Weizengenomen auf einer Megabase -Skala zu vergleichen. Ergebnisse: Hier liefern wir eine vergleichende Sequenzanalyse des 700-Megabase-Chromosoms 2D zwischen zwei Brotweizengenotypen-der alten chinesischen Landrasse und der Elite-Schweizer-Springweizen-Weizenlinie „CH Campala LR22A“. Beide Chromosomen wurden zu megabasegroßen Gerüsten zusammengesetzt. Es gibt einen hohen Grad an Sequenzkonservierung zwischen den beiden Chromosomen. Die Analyse großer struktureller Variationen zeigt vier große Indels von mehr als 100 kb. Basierend auf den molekularen Signaturen an den Haltepunkten wurden eine ungleiche Überquerung und die Doppelstrang-Break-Reparatur als die molekularen Mechanismen identifiziert, die diese Indels verursachten. Drei der großen Indels beeinflussen die Kopienzahl von NLRs, eine Genfamilie, die an der Pflanzenimmunität beteiligt ist. Die Analyse der SNP-Dichte zeigt vier Haploblocks mit 4, 8, 9 und 48 MB mit einer 35-fach erhöhten SNP-Dichte im Vergleich zum Rest des Chromosoms. Der Gengehalt über die beiden Chromosomen war hoch konserviert. In beiden Genotypen waren neunundneunzig Prozent der GENIC-Sequenzen vorhanden, und der Anteil einzigartiger Gene lag zwischen 0,4 und 0,7%. Schlussfolgerungen: Diese vergleichende Analyse von zwei hochwertigen Chromosomenanordnungen ermöglichte eine umfassende Bewertung großer struktureller Variationen und Gengehalt. Die Einsichten dieser Analyse werden die Grundlage für zukünftige Studien zum Genom-Genom-Genom bilden.	
19. Schlagwörter bread wheat cultivars, 2D segment	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1126/science.aar7191	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] THE INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (IWGSC)	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 17.08.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 16
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 184
	14. Tabellen 3
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Eine kommentierte Referenzsequenz, die das hexaploide Brotweizengenom in 21 Pseudomolekülen darstellt, wurde analysiert, um die Verteilung und den genomischen Kontext der Codierung und nicht -kodierenden Elemente über die A-, B- und D - Subgenome zu identifizieren. Mit einer geschätzten Abdeckung von 94% des Genoms und dem Enthaltenden von 107.891 High-Confidence-Genmodellen ermöglichte diese Assemblierung die Entdeckung von Gewebe- und Entwicklungsstadien-bezogenen Koexpressionsnetzwerken durch Bereitstellung eines Transkriptom-Atlas, der Hauptstadien der Weizenentwicklung darstellt. Die Dynamik komplexer Genfamilien, die an der Anpassung der Umwelt und der Endnutzungsqualität beteiligt waren, wurden bei der Auflösung von Subgenom enthüllt und zu bekannten agronomischen Einzelgen- oder quantitativen Merkmalen kontextualisiert. Diese Community-Ressource legt die Grundlage für die Beschleunigung der Weizenforschung und -anwendung durch ein verbessertes Verständnis der Weizenbiologie und der genomischunterstützten Züchtung.	
19. Schlagwörter bread wheat reference genome, Triticum aestivum	
20. Verlag American Association for the Advancement of Science (AAAS)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1186/s13059-018-1479-0	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Impact of transposable elements on genome structure and evolution in bread wheat	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Uauy, Cristobal; Borrill, Philippa; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Oliveira, Romain De; Mayer, Klaus F. X.; Paux, Etienne; Choulet, Frederic	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 17.08.2018
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 58
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 8
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Hintergrund: transponierbare Elemente (TEs) sind Hauptbestandteile großer Pflanzengenome und Haupttreiber für die Genomentwicklung. Die jüngste Ansammlung von Hexaploid -Brotweizen hat den hochwelzigen TE -Raum in einem nahezu vollständigen chromosomalen Kontext gewonnen und eine detaillierte Sicht auf die Dynamik von TEs in den Subgenomen A, B und D ermöglicht. Ergebnisse: Der gesamte TE -Gehalt ist zwischen den A-, B- und D -Subgenomen sehr ähnlich, obwohl wir nach den Polyploidisierungsereignissen keine Hinweise auf die TE -Amplifikation finden. Trotz des nahezu vollständigen Umsatzes von TES, seit die Subgenom-Linien von einem gemeinsamen Vorfahren abweichen, sind 76% der TE-Familien in ähnlichen Anteilen in jedem Subgenom noch in ähnlichen Anteilen vorhanden. Darüber hinaus wird auch der Abstand zwischen syntenischen Genen konserviert, obwohl syntenische TEs im Laufe der Zeit durch neue Insertionen ersetzt wurden, was darauf hindeutet, dass Entfernungen zwischen Genen, nicht jedoch Sequenzen evolutionäre Einschränkungen sind. Die TE -Zusammensetzung des unmittelbaren Genomkommens unterscheidet sich von den intergenen Kernregionen. Wir finden die gleichen TE -Familien, die in der Nähe von Genen in allen drei Subgenomen angereichert oder erschöpft sind. Bewertungen auf der Unterfamilie der zeitgesteuerten lang terminalen Wiederholungs-Retrotransposon-Insertionen unterstreichen die unabhängige Entwicklung der Linien der Diploid A, B und D vor der Polyploidisierung und Fällen einer konzertierten Proliferation im Ab-Tetraploid. Schlussfolgerungen: Obwohl der intergene Raum durch den TE -Umsatz verändert wird, wird eine unerwartete Erhaltung zwischen den A-, B- und D -Subgenomen für Merkmale wie die TE -Familienteile, den Genabstand und die TE -Anreicherung in der Nähe von Genen beobachtet.	
19. Schlagwörter Transposable elements, Wheat genome, Genome evolution, LTR retrotransposons, Polyploidy, Triticum aestivum	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1111/tpj.14179	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Computational aspects underlying genome to phenome analysis in plants	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Bolger, Anthony M.; Poorter, Hendrik; Dumschott, Kathryn; Bolger, Marie E.; Arend, Daniel; Osorio, Sonia; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Lange, Matthias; Scholz, Uwe; Usadel, Björn	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 12.01.2019
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 17
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 178
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Jüngste Fortschritte in den Genomik -Technologien haben die Fortschritte sowohl in der grundlegenden Pflanzenwissenschaft als auch in der angewandten Zuchtforschung stark beschleunigt. Gleichzeitig wird die Phänotypisierung von Hochdurchsatzpflanzen in der Pflanzengemeinschaft weit verbreitet und verspricht, den phänotypischen Engpass zu lindern. Während diese technologischen Durchbrüche den quantitativen Merkmal (QTL) und die kausale Genidentifikation signifikant beschleunigen, bleiben die Herausforderungen für noch komplexere Analysen bestehen. Insbesondere muss darauf geachtet werden, dass Experimente standardisiert, beschreiben und durchführen, während sie sich auf Expertise für Pflanzenphysiologie verlassen. In diesem Artikel überprüfen wir den Stand der Technik in Bezug auf die Genomversammlung und das zukünftige Potenzial der Pangenomik in der Pflanzenforschung. Wir beschreiben auch die Notwendigkeit, phänotypische Studien unter Verwendung der minimalen Informationen über ein Pflanzen -Phänotypisierungsexperiment (MIApp) zu standardisieren und zu beschreiben, um die Wiederverwendung und Integration von phänotypischen Daten zu ermöglichen. Darüber hinaus zeigen wir, wie tiefe phänotypische Daten neuartige Korrelationen für Merkmale liefern und überprüft, wie phänotypische Daten mit genomischen Daten verknüpft werden können. Schließlich bieten wir Perspektiven auf die goldene Zukunft des maschinellen Lernens und ihr Potenzial bei der Verknüpfung von Phänotypen mit genomischen Merkmalen.	
19. Schlagwörter plant genomes, plant bioinformatics, plant genome annotation, phenotyping	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41588-019-0381-3	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung	
3. Titel Durum wheat genome highlights past domestication signatures and future improvement targets		
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Maccaferri, Marco; Harris, Neil S.; Twardziok, Sven O.; Pasam, Raj K.; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Ormanbekova, Danara; Lux, Thomas; Prade, Verena M.; Milner, Sara G.; Himmelbach, Axel; Mascher, Martin; Bagnaresi, Paolo; Faccioli, Primetta; Cozzi, Paolo; Lauria, Massimiliano; Lazzari, Barbara; Stella, Alessandra; Manconi, Andrea; Gnocchi, Matteo; Moscatelli, Marco; Avni, Raz; Deek, Jasline; Biyikloglu, Sezgi; Frascaroli, Elisabetta; Corneti, Simona; Salvi, Silvio; Sonnante, Gabriella; Desiderio, Francesca; Marè, Caterina; Crosatti, Cristina; Mica, Erica; Özkan, Hakan; Kilian, Benjamin; De Vita, Pasquale; Marone, Daniela; Joukhadar, Reem; Mazzucotelli, Elisabetta; Nigro, Domenica; Gadaleta, Agata; Chao, Shiaoman; Faris, Justin D.; Melo, Arthur T. O.; Pumphrey, Mike; Pecchioni, Nicola; Milanese, Luciano; Wiebe, Krystalee; Ens, Jennifer; MacLachlan, Ron P.; Clarke, John M.; Sharpe, Andrew G.; Koh, Chu Shin; Liang, Kevin Y. H.; Taylor, Gregory J.; Knox, Ron; Budak, Hikmet; Mastrangelo, Anna M.; Xu, Steven S.; Stein, Nils; Hale, Iago; Distelfeld, Assaf; Hayden, Matthew J.; Tuberosa, Roberto; Walkowiak, Sean; Mayer, Klaus F. X.; Ceriotti, Aldo; Pozniak, Curtis J.; Cattivelli, Luigi	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021	
		6. Veröffentlichungsdatum 08.04.2019
		7. Form der Publikation Fachzeitschrift
		8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology
		9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
		10. Förderkennzeichen 031A536B
		11. Seitenzahl 16
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn		13. Literaturangaben 48
		14. Tabellen 0
		15. Abbildungen 8
16. Zusätzliche Angaben		
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)		
18. Kurzfassung Die Domestizierung von Wild -Emmer -Weizen führte zur Auswahl des modernen Durumweizens, der hauptsächlich für die Pastaproduktion angebaut wurde. Wir beschreiben die Ansammlung von 10,45 Gigabase (GB) des Genoms der Durum -Weizen -Sorte Svevo. Die Assemblierung ermöglichte genomweite genetische Diversitätsanalysen, die die Veränderungen durch Tausende von Jahren empirischer Selektion und Züchtung ergab. Regionen, die starke Signaturen der genetischen Divergenz mit Domestizierung und Züchtung aufwiesen, waren im Genom mit mehreren größeren Verlusten der Vielfalt in den pericentromeren Regionen weit verbreitet. Ein Locus auf Chromosom 5b trägt ein Gen, das für einen Metalltransporter (TDHMA3-B1) mit einer nicht funktionsfähigen Variante kodiert, die eine hohe Akkumulation von Cadmium in Getreide verursacht. Das Hoch-Cadmium-Allel, weit verbreitet bei Durum-Sorten, aber unentdeckt in wilden Emmer-Akzessionen, erhöhte die Häufigkeit von domestiziertem Emmer bis zu modernem Durumweizen. Das schnelle Klonieren von TDHMA3-B1 rettet ein wild vorteilhaftes Allel und zeigt die praktische Verwendung des Svevo-Genoms zur Verbesserung der Weizen.		
19. Schlagwörter Genetics, Plant sciences		
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt	

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1016/j.cub.2019.07.086	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Genome Sequence of <i>Striga asiatica</i> Provides Insight into the Evolution of Plant Parasitism	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Yoshida, Satoko; Kim, Seungill; Wafula, Eric K.; Tanskanen, Jaakko; Kim, Yong-Min; Honaas, Loren; Yang, Zhenzhen; Spallek, Thomas; Conn, Caitlin E.; Ichihashi, Yasunori; Cheong, Kyeongchae; Cui, Songkui; Der, Joshua P.; Gundlach, Heidrun; Jiao, Yuannian; Hori, Chiaki; Ishida, Juliane K.; Kasahara, Hiroyuki; Kiba, Takatoshi; Kim, Myung-Shin; Koo, Namjin; Laohavisit, Anuphon; Lee, Yong-Hwan; Lumba, Shelley; McCourt, Peter; Mortimer, Jenny C.; Mutuku, J. Musembi; Nomura, Takahito; Sasaki-Sekimoto, Yuko; Seto, Yoshiya; Wang, Yu; Wakatake, Takanori; Sakakibara, Hitoshi; Demura, Taku; Yamaguchi, Shinjiro; Yoneyama, Koichi; Manabe, Ri-ichiroh; Nelson, David C.; Schulman, Alan H.; Timko, Michael P.; dePamphilis, Claude W.; Choi, Doil; Shirasu, Ken	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 15.09.2019
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 69
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 7
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Parasitäre Pflanzen der Gattung <i>Striga</i>, allgemein als Witchweeds bekannt, verursachen in Afrika südlich der Sahara zu erheblichen Ernteverlusten und stellen eine Bedrohung für die Landwirtschaft weltweit dar. Ein Verständnis der <i>Striga</i> - Parasitenbiologie, die zu landwirtschaftlichen Lösungen führen könnte, wurde durch den Mangel an Genominformationen behindert. Hier berichten wir über die Entwurf der Genomsequenz von <i>Striga asiatica</i> mit 34.577 prognostizierten Proteinkodierungsgenen, die Kontraktionen und Expansionen der Genfamilie widerspiegelt, die mit einem Dreiphasenmodell der parasitären Pflanzengenomentwicklung übereinstimmen. <i>Striga</i>-Samen keimten als Reaktion auf aus Wirt abgeleitete Strigolactone (SLS) und entwickeln dann eine spezielle Penetrationsstruktur, das Haustorium, um in die Wirtswurzel einzudringen. Eine Familie von SL -Rezeptoren hat eine bemerkenswerte Ausdehnung erfahren, was auf eine molekulare Grundlage für die Entwicklung des breiten Wirtsbereichs unter <i>Striga</i> spp. Wir fanden heraus, dass Gene, die an der lateralen Wurzelentwicklung bei nicht parasitären Modellarten beteiligt sind, während der Haustoriumentwicklung in <i>Striga</i> koordiniert induziert werden, was auf einen Weg hindeutet, der teilweise während der Entwicklung des Haustoriums kooptiert wurde. Darüber hinaus fanden wir Hinweise auf den horizontalen Transfer von Wirtsgenen sowie Retrotransposons, was auf den Genfluss von Wirten nach <i>S. asiatica</i> hinweist. Unsere Ergebnisse bieten wertvolle Einblicke in die Entwicklung des Parasitismus und eine Schlüsselressource für die zukünftige Entwicklung von <i>Striga</i> -Kontrollstrategien.</p>	
19. Schlagwörter genome, parasitic plant, <i>Striga</i> , Orobanchaceae, strigolactone, horizontal gene transfer, transcriptome	
20. Verlag Elsevier BV	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1186/s13059-019-1899-5	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel TRITEX: chromosome-scale sequence assembly of Triticeae genomes with open-source tools	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Monat, C{\e}cile; Padmarasu, Sudharsan; Lux, Thomas; Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Himmelbach, Axel; Ens, Jennifer; Li, Chengdao; Muehlbauer, Gary J.; Schulman, Alan H.; Waugh, Robbie; Braumann, Ilka; Pozniak, Curtis; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel; Stein, Nils; Mascher, Martin	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 18.12.2019
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 102
	14. Tabellen 5
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Genomsequenzansammlungen im Chromosomen im Bereich der Genomsequenz untermauern pan-genomische Studien. Die jüngsten Bemühungen der Genomversammlung in den großgenomischen Triticeae-Pflanzen Weizen und Gerste haben sich auf den kommerziellen Algorithmus der geschlossenen Quellenversammlung Denovomagic verlassen. Wir präsentieren Tritex, einen Open-Source-Computer-Workflow, der mit Chromosom-Konformations-Capture-Sequenzierungsdaten mit Chromosom-Konformations-Capture-Sequenzierungsdaten, um Sequenz-Gerüste mit Megabase-Maßstäbe in chromosomaler Pseudomolecules geordnet zu konstruieren, kombiniert. Wir bewerten die Leistung von Tritex an öffentlich verfügbaren Sequenzdaten von Tetraploid Wild Emmer und Hexaploid -Brotweizen und konstruieren eine verbesserte, kommentierte Referenzgenomsequenzanordnung des Gerstenkultivars Morex als Gemeinschaftsressource.	
19. Schlagwörter genome assembly, open-source tools, barley	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/dnares/dsaa015	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Insights into the evolution of symbiosis gene copy number and distribution from a chromosome-scale Lotus japonicus Gifu genome sequence	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Kamal, Nadia; Mun, Terry; Reid, Dugald; Lin, Jie-Shun; Akyol, Turgut Yigit; Sandal, Niels; Asp, Torben; Hiraikawa, Hideki; Stougaard, Jens; Mayer, Klaus F. X.; Sato, Shusei; Andersen, Stig Uggerhøj	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 01.06.2020
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 54
	14. Tabellen 3
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Lotus japonicus ist ein krautiges mehrjähriges Hülsenfrucht, das als genetisch verfolgbares Modellsystem zur Entschlüsselung der molekularen Genetik der symbiotischen Stickstofffixierung verwendet wurde. Unser Ziel ist es, die L. japonicus-Referenzgenomsequenz zu verbessern, die bisher auf den Sanger- und Illumina-Sequenzierungen aus dem L. japonicus-Beitritt MG-20 basiert und einen großen Teil von nicht verankerten Contigs enthält. Hier verwenden wir Long Pacbio-Lesevorgänge von L. japonicus gifu in Kombination mit Hi-C-Daten und neuen genetischen Karten mit hoher Dichte, um eine hochwertige Referenzgenomanordnung von Chromosomen im Maßstab für L. japonicus zu erzeugen. Die Baugruppe umfasst 554 Megabasen, von denen 549 sechs Pseudomolekülen zugeordnet wurden, die mit telomeren Wiederholungen an ihren Extremen und großen zentromeren Regionen mit geringer Dichte komplett erscheinen. Das neue L. japonicus GIFU -Referenzgenom und die damit verbundenen Expressionsdaten repräsentieren wertvolle Ressourcen für die funktionelle und vergleichende Genomik von Hülsenfrüchten. Hier geben wir ein erstes Beispiel an, indem wir zeigen, dass die kürzlich in Medicago Truncatula beschriebenen symbiotischen Inseln in L. japonicus nicht konserviert zu sein scheinen.</p>	
19. Schlagwörter legume, symbiosis, rhizobium, comparative genomics, expression atlas	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41588-020-0671-9	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel European maize genomes highlight intraspecies variation in repeat and gene content	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Haberer, Georg; Kamal, Nadia; Bauer, Eva; Gundlach, Heidrun; Fischer, Iris; Seidel, Michael A.; Spannagl, Manuel; Marcon, Caroline; Ruban, Alevtina; Urbany, Claude; Nemri, Adnane; Hochholdinger, Frank; Ouzunova, Milena; Houben, Andreas; Schön, Chris-Carolin; Mayer, Klaus F. X.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 27.07.2020
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 82
	14. Tabellen 1
	15. Abbildungen 5
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Die Vielfalt von Mais (<i>Zea Mays</i>) ist das Rückgrat moderner heterotischer Muster und hybride Züchtung. In der Vergangenheit haben die US -Landwirte diese Variabilität ausgebeutet, um die hochproduktiven inzudierten Maisgürtel -Linien aus Dellen- und Flint -Keimplasma -Pools zu etablieren. Hier berichten wir über De -novo -Genomsequenzen von vier europäischen Feuersteinzeilen, die zu Pseudomolekülen zusammengestellt wurden und N50 von 6,1 bis 10,4 MB reichen. Vergleichende Analysen mit zwei US -Maisgürtellinien erklären die ausgeprägten Unterschiede zwischen beiden Keimplasmen. Während die allgemeine syntenische Reihenfolge und konsolidierte Gen-Annotationen nur mäßige pangenomische Unterschiede aufweisen, beschreibt Alignments im gesamten Genom das Kern und das entbehrliche Genom und die Analyse heterochromatischer Knöpfe und orthologen lang terminaler Wiederholung von Retrotransposons die Dynamik des Mais-Genoms. Die hochwertigen Genomsequenzen des Flint-Pools ergänzen das Mais-Pangenom und bieten ein wichtiges Instrument, um die Maisverbesserung auf einem Genommaßstab zu untersuchen und die moderne hybride Zucht zu verbessern.	
19. Schlagwörter Genomics, Plant breeding, Plant genetics	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1007/s00122-020-03712-y	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The Aegilops ventricosa 2NvS segment in bread wheat: cytology, genomics and breeding	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Gao, Liangliang; Koo, Dal-Hoe; Juliana, Philomin; Rife, Trevor; Singh, Daljit; Lemes da Silva, Cristiano; Lux, Thomas; Dorn, Kevin M.; Clinesmith, Marshall; Silva, Paula; Wang, Xu; Spannagl, Manuel; Monat, Cecile; Friebe, Bernd; Steuernagel, Burkhard; Muehlbauer, Gary J.; Walkowiak, Sean; Pozniak, Curtis; Singh, Ravi; Stein, Nils; Mascher, Martin; Fritz, Allan; Poland, Jesse	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 12.11.2020
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 14
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 63
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Schlüsselbotschaft: Die erste zytologische Charakterisierung des 2NVs -Segments in Hexaploidweizen; vollständige De -novo -Versammlung und Annotation des 2NVS -Segments; Die 2NVs -Frequenz nimmt 2 NVs zu und ist mit einer höheren Ausbeute verbunden. Das Aegilops-Ventricosa 2NVS-Translokationssegment wird seit Anfang der neunziger Jahre bei züchtenden Krankheiten-resistenten Weizenpflanzen verwendet. Es ist bekannt, dass dieses Segment mehrere wichtige Resistenzgene gegen mehrere Weizenkrankheiten besitzt, einschließlich Wurzelknotennematoden, Streifenrost, Blattrost und Stammrost. In jüngerer Zeit war dieses Segment mit einer Resistenz gegen Weizenexplosion, einer aufstrebenden und verheerenden Weizenkrankheit in Südamerika und Asien verbunden. Bisher fehlt die vollständige Charakterisierung des Segments einschließlich seiner Größe, des Gengehalts und seiner Assoziation mit Getreideertrag. Hier präsentieren wir eine vollständige zytologische und physikalische Charakterisierung dieser agronomisch wichtigen Translokation in Brotweizen. Wir haben das 2NVS -Segment in zwei Weizensorten zusammengestellt, "Jagger" und "CDC Stanley", und das Segment mit ungefähr 33 MB festgelegt. Insgesamt 535 High-Confidence-Gene wurden innerhalb der 2NVs-Region mit > 10% zu den nukleotidbindenden Leucin-reichen Wiederholungsfamilien (NLR) annotiert. Die Identifizierung von Gruppen von NLR-Genen, die potenziell genomspezifisch sind und in bestimmten Geweben exprimiert werden, können schnelle Testen von Kandidatengenen, die bei verschiedenen Krankheitsresistenzrollen Rollen spielen, schnell getestet werden. Wir zeigen auch die zunehmende Häufigkeit von 2 NVs zwischen Frühlings- und Winterweizen -Zuchtprogrammen über zweieinhalb Jahrzehnte und die positiven Auswirkungen von 2 NVs auf den Ertrag von Weizenkörnern basierend auf historischen Datensätzen. Die Bedeutung des 2NVs-Segments bei der Weizenzüchtung aufgrund von Resistenz gegen mehrere Krankheiten und eine positive Auswirkung auf den Ertrag unterstreicht, wie wichtig es ist, das Genom des Weizenpflanzers zu verstehen und zu charakterisieren, um bessere Einblicke in die molekulare Züchtung für die Verbesserung des Weizens zu erhalten.</p>	
19. Schlagwörter Aegilops ventricosa 2NvS translocation, disease resistance, NLR genes	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41586-020-2947-8	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Jayakodi, Murukarthick; Padmarasu, Sudharsan; Haberer, Georg; Bonthala, Venkata Suresh; Gundlach, Heidrun; Monat, Cécile; Lux, Thomas; Kamal, Nadia; Lang, Daniel; Himmelbach, Axel; Ens, Jennifer; Zhang, Xiao-Qi; Angessa, Tefera T.; Zhou, Gaofeng; Tan, Cong; Hill, Camilla; Wang, Penghao; Schreiber, Miriam; Boston, Lori B.; Plott, Christopher; Jenkins, Jerry; Guo, Yu; Fiebig, Anne; Budak, Hikmet; Xu, Dongdong; Zhang, Jing; Wang, Chunchao; Grimwood, Jane; Schmutz, Jeremy; Guo, Ganggang; Zhang, Guoping; Mochida, Keiichi; Hirayama, Takashi; Sato, Kazuhiro; Chalmers, Kenneth J.; Langridge, Peter; Waugh, Robbie; Pozniak, Curtis J.; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel; Li, Chengdao; Mascher, Martin; Stein, Nils	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 25.11.2020
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 69
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Die genetische Vielfalt ist der Schlüssel zur Verbesserung der Ernte. Aufgrund der allgegenwärtigen genomischen strukturellen Variation kann eine einzelne Referenzgenomanordnung nicht das vollständige Komplement der Sequenzdiversität einer Erntespezies (bekannt als „Pan-Genome“) erfassen. Mehrere hochwertige Sequenzanordnungen sind ein unverzichtbarer Bestandteil einer Pan-Genom-Infrastruktur. Gerste (<i>Hordeum vulgare</i> L.) ist eine wichtige Getreideernte mit einer langen Anbauflagerung, die an eine breite Palette von agro-klimatischen Bedingungen angepasst ist². Hier berichten wir über den Bau von Sequenzanordnungen im Chromosomenmaßstab für die Genotypen von 20 Gerstensorten-die Landrassen, Sorten und eine wilde Gerste-, die als Vertreter der globalen Gerstevielfalt ausgewählt wurden. Wir katalogisierten die genomischen Präsenz-/Abwesenheitsvarianten und untersuchten die Verwendung von Strukturvarianten für die quantitative genetische Analyse durch die Schrotflintensequenzierung von 300 Gen Bankakaszieren. Wir entdeckten reichlich große Inversionspolymorphismen und analysierten im Detail zwei Inversionen, die häufig im aktuellen Elite -Gerstenkeimplasma enthalten sind. Eines ist wahrscheinlich das Produkt der Mutationszucht und der andere ist eng mit einem Ort verbunden, der an der Ausdehnung der geografischen Reichweite beteiligt ist. Dieses Gerste der ersten Generation, das Pan-Genom der ersten Generation macht, ist zuvor versteckte genetische Variationen für genetische Studien und Züchtung zugänglich.</p>	
19. Schlagwörter Genomics, Plant genetics, Structural variation	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s42003-020-01413-2	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel A haplotype-led approach to increase the precision of wheat breeding	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Brinton, Jemima; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Simmonds, James; Wingen, Luzie; Orford, Simon; Griffiths, Simon; Haberer, Georg; Spannagl, Manuel; Walkowiak, Sean; Pozniak, Curtis; Uauy, Cristobal	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 25.11.2020
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 65
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 4
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Die Produktivität der Ernte muss bei beispiellosen Raten steigen, um den Bedürfnissen der wachsenden weltweiten Bevölkerung gerecht zu werden. Die Nutzung der natürlichen Variation für die genetische Verbesserung der Pflanzen spielt eine zentrale Rolle bei der Steigerung der Produktivität. Obwohl aktuelle genomische Technologien zur hohen Durchsatzidentifizierung genetischer Variationen verwendet werden können, fehlen Methoden zur effizienten Nutzung dieses genetischen Potentials, systematische Weise. Hier haben wir einen haplotypbasierten Ansatz entwickelt, um die genetische Vielfalt für die Verbesserung der Pflanzen unter Verwendung von Genomanordnungen aus 15 Brotweizen-Sorten (<i>Triticum aestivum</i>) zu identifizieren. Wir haben strenge Kriterien verwendet, um identische Haplotypen identisch zu identifizieren und diese von nahezu identischen Sequenzen zu unterscheiden (99.95 % Identität). Wir haben gezeigt, dass jede Sorte 59 % ihres Genoms mit anderen sequenzierten Sorten teilt und das Vorhandensein erweiterter Haplotypblöcke, die Hunderte bis Tausende von Genen in allen Weizenchromosomen enthielten, nachgewiesen haben. Wir fanden heraus, dass die genetische Sequenz allein unzureichend war, um zwischen Haplotypen vollständig zu unterscheiden, wie es aufgrund ihres gen-zentrischen Designs häufig verwendet wurden. Wir haben diesen Ansatz erfolgreich für die fokussierte Entdeckung neuartiger Haplotypen aus einer Landrace - Sammlung verwendet und ihr Potenzial für die Verbesserung des Merkmals bei modernen Brotweizen dokumentiert. Diese Studie bietet einen Rahmen für die Definition und Ausnutzung von Haplotypen, um die Effizienz und Präzision der Weizenzüchtung zur Optimierung der agronomischen Leistung dieser entscheidenden Ernte zu erhöhen.	
19. Schlagwörter Plant breeding, Plant genetics	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41586-020-2961-x	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Walkowiak, Sean; Gao, Liangliang; Monat, Cecile; Haberer, Georg; Kassa, Muluaalem T.; Brinton, Jemima; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Kolodziej, Markus C.; Delorean, Emily; Thambugala, Dinushika; Klymiuk, Valentyna; Byrns, Brook; Gundlach, Heidrun; Bandi, Venkat; Siri, Jorge Nunez; Nilsen, Kirby; Aquino, Catharine; Himmelbach, Axel; Copetti, Dario; Ban, Tomohiro; Venturini, Luca; Bevan, Michael; Clavijo, Bernardo; Koo, Dal-Hoe; Ens, Jennifer; Wiebe, Krystalee; N'Diaye, Amidou; Fritz, Allen K.; Gutwin, Carl; Fiebig, Anne; Fosker, Christine; Fu, Bin Xiao; Accinelli, Gonzalo Garcia; Gardner, Keith A.; Fradgley, Nick; Gutierrez-Gonzalez, Juan; Halstead-Nussloch, Gwyneth; Hatakeyama, Masaomi; Koh, Chu Shin; Deek, Jasline; Costamagna, Alejandro C.; Fobert, Pierre; Heavens, Darren; Kanamori, Hiroyuki; Kawaura, Kanako; Kobayashi, Fuminori; Krasileva, Ksenia; Kuo, Tony; McKenzie, Neil; Murata, Kazuki; Nabeka, Yusuke; Paape, Timothy; Padmarasu, Sudharsan; Percival-Alwyn, Lawrence; Kagale, Sateesh; Scholz, Uwe; Sese, Jun; Juliana, Philomin; Singh, Ravi; Shimizu-Inatsugi, Rie; Swarbreck, David; Cockram, James; Budak, Hikmet; Tameshige, Toshiaki; Tanaka, Tsuyoshi; Tsuji, Hiroyuki; Wright, Jonathan; Wu, Jianzhong; Steuernagel, Burkhard; Small, Ian; Cloutier, Sylvie; Keeble-Gagnère, Gabriel; Muehlbauer, Gary; Tibbets, Josquin; Nasuda, Shuhei; Melonek, Joanna; Hucl, Pierre J.; Sharpe, Andrew G.; Clark, Matthew; Legg, Erik; Bharti, Arvind; Langridge, Peter; Hall, Anthony; Uauy, Cristobal; Mascher, Martin; Krattinger, Simon G.; Handa, Hirokazu; Shimizu, Kentaro K.; Distelfeld, Assaf; Chalmers, Ken; Keller, Beat; Mayer, Klaus F. X.; Poland, Jesse; Stein, Nils; McCartney, Curt A.; Spannagl, Manuel; Wicker, Thomas; Pozniak, Curtis J.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
6. Veröffentlichungsdatum 25.11.2020	
7. Form der Publikation Fachzeitschrift	
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
10. Förderkennzeichen 031A536B	
11. Seitenzahl 13	
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 74
14. Tabellen 0	
15. Abbildungen 3	
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Fortschritte in der Genomik haben die Verbesserung mehrerer landwirtschaftlich wichtiger Pflanzen beschleunigt, aber ähnliche Bemühungen im Weizen (<i>Triticum</i> spp.) waren schwieriger. Dies ist weitgehend auf die Größe und Komplexität des Weizen-genoms ¹ und auf das Fehlen von Daten zur Genomklasse für mehrere Weizenlinien ^{2,3} zurückzuführen. Hier haben wir zehn Chromosomen-Pseudomoleküle und fünf Gerüstansammlungen von Hexaploid-Weizen erzeugt, um die genomische Vielfalt zwischen Weizenlinien aus globalen Zuchtprogrammen zu untersuchen. Die vergleichende Analyse ergab umfangreiche strukturelle Umlagerungen, Introgressionen aus wilden Verwandten und Unterschiede im Gengehalt, die sich aus komplexen Züchtungsgeschichten ergeben, die auf die Verbesserung der Anpassung an verschiedene Umgebungen, die Getreideertrag und die Qualität und die Resistenz gegen Stress ^{4,5} zu verbessern sollen. Wir liefern Beispiele, die den Nutzen dieser Genome darstellen, einschließlich eines detaillierten Multi-Genoms-abgeleiteten Nukleotid-bindenden Leucin-reichen Proteinrepertoires, das an der Krankheitsresistenz und der Charakterisierung von SM16 beteiligt ist, ein Gen, das mit der Resistenz von Insekten verbunden ist. Diese Genomanordnungen werden eine Grundlage für die Entdeckung und Zucht der funktionellen Gene bilden, um die nächste Generation moderner Weizensorten zu liefern.	
19. Schlagwörter Comparative genomics, Haplotypes, Plant breeding, Structural variation	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/pcp/pcaa152	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel De Novo Genome Assembly of the Japanese Wheat Cultivar Norin 61 Highlights Functional Variation in Flowering Time and Fusarium-Resistant Genes in East Asian Genotypes	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Shimizu, Kentaro K.; Copetti, Dario; Okada, Moeko; Wicker, Thomas; Tameshige, Toshiaki; Hatakeyama, Masaomi; Shimizu-Inatsugi, Rie; Aquino, Catharine; Nishimura, Kazusa; Kobayashi, Fuminori; Murata, Kazuki; Kuo, Tony; Delorean, Emily; Poland, Jesse; Haberer, Georg; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Gutierrez-Gonzalez, Juan; Muehlbauer, Gary J.; Monat, Cecile; Himmelbach, Axel; Padmarasu, Sudharsan; Mascher, Martin; Walkowiak, Sean; Nakazaki, Tetsuya; Ban, Tomohiro; Kawaura, Kanako; Tsuji, Hiroyuki; Pozniak, Curtis; Stein, Nils; Sese, Jun; Nasuda, Shuhei; Handa, Hirokazu	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 27.11.2020
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 20
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 152
	14. Tabellen 5
	15. Abbildungen 7
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Brotweizen ist eine große Ernte, die seit langem im Mittelpunkt der Grund- und Zuchtforschung steht. Die Zusammenstellung seines Genoms war aufgrund seiner großen und allohexaploiden Natur (AABBDD -Genom) schwierig. Nach dem ersten Anbau des Genoms des experimentellen Stammes chinesischer Spring (CS) wurde das Projekt von 10+ Weizengenomen ins Leben gerufen, um mehrere Ansammlungen weltweiter moderner Sorten zu produzieren. Die einzige asiatische Sorte im Projekt ist Norin 61, eine repräsentative japanische Sorte, die sich für ein breites Breitenbereich anwächst, der hauptsächlich durch ein nasser Klima und eine kurze Vegetationsperiode gekennzeichnet ist. Hier charakterisieren wir die wichtigsten Aspekte seiner Genomanordnung im Chromosomenmaßstab von 15 GB mit einem rohen Gerüst N50 von 22 MB. Die Analyse der repetitiven Elemente identifizierte Chromosomenregionen, die in Norin 61 einzigartig sind, die ein Tandem-Array der Pathogenese-bezogenen 13-Familie umfassen. Wir berichten von neuartigen Variationen der Kopienzahl im B-Homologen des Florigen-Gens FT1/VRN3, der Pseudogenisierung seines D-Homologen und der Assoziation seines Homerologen-Allele mit der Frühlings-/Winter-Wachstumskrise. Darüber hinaus trägt das Norin 61-Genom typische ostasiatische funktionelle Varianten von CS, die von einem einzelnen Nukleotid bis zur Multi-MB-Skala reichen. Beispiele für eine solche Variation sind der FHB1-Locus, der Fusarium Head-Blight-Resistenz PPD-D1A verleiht, das eine frühe Blüte, Glu-d1f für die asiatische Nudelqualität und RhT-D1B verleiht, die während der grünen Revolution einen halb-zwelfismus einführte. Die Annahme von Norin 61 als Referenzanordnung für funktionelle und evolutionäre Studien ermöglicht eine umfassende Charakterisierung der untererleister asiatischen Brotweizenvielfalt.	
19. Schlagwörter bread wheat, Norin61 cultivar, florigen gene, Fusarium resistance	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/plcell/koab077	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Long-read sequence assembly: a technical evaluation in barley	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Mascher, Martin; Wicker, Thomas; Jenkins, Jerry; Plott, Christopher; Lux, Thomas; Koh, Chu Shin; Ens, Jennifer; Gundlach, Heidrun; Boston, Lori B.; Tulpová, Zuzana; Holden, Samuel; Hernández-Pinzón, Inmaculada; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel; Pozniak, Curtis J.; Sharpe, Andrew G.; Šimková, Hana; Moscou, Matthew J.; Grimwood, Jane; Schmutz, Jeremy; Stein, Nils	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 12.03.2021
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 19
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 84
	14. Tabellen 7
	15. Abbildungen 7
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Die Sequenzanordnung von großen und wiederholten Pflanzengenomen war eine Herausforderung und erforderte erhebliche Rechenressourcen und häufig mehrere komplementäre Sequenzanordnungen und Genom-Mapping-Ansätze. Die jüngste Entwicklung einer schnellen und genauen langlebigen Sequenzierung durch kreisförmige Konsensussequenzierung (CCS) auf der Pacbio-Plattform kann den Umfang der Pflanzen-Pan-Genomprojekte erheblich erhöhen. Hier vergleichen wir aktuelle lang gelesene Sequenzierungsplattformen hinsichtlich ihrer Fähigkeit, in Pan-Genom-Studien von Gerste (<i>Hordeum vulgare</i>) schnell zusammenhängende Sequenzanordnungen zu erzeugen. Die meisten langlebigen Baugruppen sind der aktuellen Gerstenreferenzsequenz auf der Grundlage von Kurzlesen eindeutig überlegen. In den meisten Metriken stammten die Assemblies aus genauen Long Reads Excel, aber der CCS-Ansatz war die kostengünstigste Strategie für die Zusammenstellung von Zehnerstengenomen. Eine Downsampling-Analyse ergab, dass eine 20-fache CCS-Abdeckung sehr gute Sequenzanordnungen ergeben kann, während selbst fünffache CCS-Daten die vollständige Sequenz der meisten Gene erfassen können. Wir präsentieren eine aktualisierte Referenzgenomanordnung für Gerste mit nahezu vollständiger Darstellung des wiederholten intergenen Raums. Langlesene Montage kann die Konstruktion genauer und vollständiger Sequenzen mehrerer Genome einer Art untermauern, um Pan-Genom-Infrastrukturen in Triticeae-Pflanzen und ihren wilden Verwandten zu bauen.	
19. Schlagwörter barley, assembly validation, circular consensus sequencing	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41588-021-00807-0	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Chromosome-scale genome assembly provides insights into rye biology, evolution and agronomic potential	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Rabanus-Wallace, M. Timothy; Hackauf, Bernd; Mascher, Martin; Lux, Thomas; Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Baez, Mariana; Houben, Andreas; Mayer, Klaus F. X.; Guo, Liangliang; Poland, Jesse; Pozniak, Curtis J.; Walkowiak, Sean; Melonek, Joanna; Praz, Coraline R.; Schreiber, Mona; Budak, Hikmet; Heuberger, Matthias; Steuernagel, Burkhard; Wulff, Brande; Börner, Andreas; Byrns, Brook; Čížková, Jana; Fowler, D. Brian; Fritz, Allan; Himmelbach, Axel; Kaithakottil, Gemy; Keilwagen, Jens; Keller, Beat; Konkin, David; Larsen, Jamie; Li, Qiang; Myśków, Beata; Padmarasu, Sudharsan; Rawat, Nidhi; Sesiz, Uğur; Biyiklioglu-Kaya, Sezgi; Sharpe, Andy; Šimková, Hana; Small, Ian; Swarbreck, David; Toegelová, Helena; Tsvetkova, Natalia; Voylokov, Anatoly V.; Vrána, Jan; Bauer, Eva; Bolibok-Bragoszewska, Hanna; Doležel, Jaroslav; Hall, Anthony; Jia, Jizeng; Korzun, Viktor; Laroche, André; Ma, Xue-Feng; Ordon, Frank; Özkan, Hakan; Rakoczy-Trojanowska, Monika; Scholz, Uwe; Schulman, Alan H.; Siekmann, Dörthe; Stojalowski, Stefan; Tiwari, Vijay K.; Spannagl, Manuel; Stein, Nils	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
6. Veröffentlichungsdatum 18.03.2021	
7. Form der Publikation Fachzeitschrift	
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
10. Förderkennzeichen 031A536B	
11. Seitenzahl 17	
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 80
14. Tabellen 1	
15. Abbildungen 5	
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Roggen (Sekalle Cereale L.) ist eine außergewöhnlich klimatisierte Getreideernte, die ausgiebig verwendet wird, um durch introgressive Hybridisierung verbesserte Weizensorten zu produzieren und das gesamte Repertoire der Gene zu besitzen, die erforderlich sind, um eine hybride Zucht zu ermöglichen. Rye ist zugelassen und erst in jüngster Zeit domestiziert, wodurch kultivierte RYES Zugang zu einem vielfältigen und ausblösierbaren Wild -Gen -Pool erhalten. Um das agronomische Potential von Roggen weiter zu verbessern, haben wir eine chromosomenkala-Annotierende des 7,9-Gigabase-Roggengenoms erstellt und seine Qualität ausführlich validiert, indem eine Reihe molekularer genetischer Ressourcen verwendet wurden. Wir demonstrieren Anwendungen dieser Ressource mit einer breiten Palette von Untersuchungen. Wir präsentieren die Ergebnisse der unvollständigen genetischen Isolierung von Rye von wilden Verwandten, Mechanismen der Genomstrukturentwicklung, Pathogenresistenz, Toleranz mit niedriger Temperatur, Fertilitätskontrollsystemen für die hybride Zucht und die Ertragsvorteile von Roggen-Weizen-Introgressionen.	
19. Schlagwörter Genomics, Plant breeding, Plant genetics	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/dnares/dsab008	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Chromosome-scale genome assembly of the transformation-amenable common wheat cultivar 'Felder'	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Sato, Kazuhiro; Abe, Fumitaka; Mascher, Martin; Haberer, Georg; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Shirasawa, Kenta; Isobe, Sachiko	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 01.06.2021
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 7
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 28
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Wir haben eine hochwertige Genomanordnung auf Chromosomenebene für die 1974 freigesetzte amerikanische, weiche, weiße, weiße, agrobacterium tumefaciens-vermittelte Transformation und Genom Bearbeitung. Genaue langlesene Sequenzen wurden unter Verwendung von Pacbio Circular Consensus-Sequenzierung mit dem HiFi-Ansatz erhalten. Sequenz liest aus 16 SMRT - Zellen, die unter Verwendung des Hifiasm -Assemblers zusammengebaut wurden, die Ansammlungen mit N50 von mehr als 20 MB erzeugt. Wir verwendeten die OMNI-C-Chromosomenkonformationstechnik, um Contigs zu Ansammlungen auf Chromosomenebene zu ordnen, was zu 21 Pseudomolekülen mit einer kumulativen Größe von 14,7 und 0,3 GB nicht verankerte Contigs führte. Die Zuordnung von veröffentlichten kurzen Lesevorgängen aus einer transgenen Weizenpflanze mit einem bearbeiteten Saatgut-Darm-Gen, Taqsd1, identifizierte vier Positionen der Transgeninsertion in Weizenchromosomen. Der Nachweis von Führungs-RNA-Sequenzen in Pseudomolekülen lieferte Kandidaten für die Induktion außerhalb der Target-Mutation. Diese Ergebnisse zeigen die Effizienz der Versammlung von Chromosomenskala unter Verwendung von Pacbio HiFi-Lesevorgängen und ihre Anwendung in Weizen genom-Bewirtschaftungsstudien.	
19. Schlagwörter Triticum aestivum, circular consensus sequencing, genome assembly, pseudomolecules, genome editing	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/g3journal/jkab244	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Chromosome-scale assembly of wild barley accession "OUH602"	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Sato, Kazuhiro; Mascher, Martin; Himmelbach, Axel; Haberer, Georg; Spannagl, Manuel; Stein, Nils	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 13.07.2021
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 6
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 31
	14. Tabellen 2
	15. Abbildungen 2
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Gerste (<i>Hordeum vulgare</i>) wurde aus seiner wilden Vorfahren ca. domestiziert. Vor 10.000 Jahren im fruchtbaren Halbmond und ist auf der ganzen Welt weit verbreitet, außer in tropischen Gebieten. Die Genomgröße sowohl der kultivierten Gerste als auch des spezifischen wilden Vorfahren beträgt ungefähr 5 GB. Kürzlich wurden durch Pan-Genom-Analyse hochwertige Ansammlungen auf Chromosomenebene von 19 kultivierten und ein wilder Gerstengenotyp festgelegt. Hier veröffentlichen wir eine weitere äquivalente kurzlesene Versammlung des wilden Gerste "OUH602". Für diesen Genotyp wurde in früheren Studien eine Reihe von genetischen und genomischen Ressourcen entwickelt. Unsere Baugruppe enthält mehr als 4,4 GB Sequenz mit einem Gerüst N50 -Wert von über 10 MB. Der Haplotyp zeigt eine hohe Kollinearität mit dem zuletzt aktualisierten Gerste - Referenzgenom „Morex“ V3 mit einigen Umkehrungen. Genprojektionen basierend auf „Morex“ -Genmodellen zeigten 46.807 Proteinkodierungssequenzen und 43.375 Protein-kodierende Gene. Ausrichtungen zu öffentlich verfügbaren Sequenzen von Bacterial -künstlichen Chromosom -Klonen (BAC) von „OUH602“ bestätigen die hohe Genauigkeit der Baugruppe. Da in „OUH602“ mehr Loki von Interesse identifiziert wurde, sollte die Veröffentlichung dieser Versammlung mit detaillierten genomischen Informationen die Genidentifikation und die Nutzung dieses wichtigsten wilden Gerstenzugs beschleunigen.</p>	
19. Schlagwörter genome assembly; <i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>spontaneum</i> ; OUH602; pseudomolecules; wild barley	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/g3journal/jkab325	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Aegilops tauschii genome assembly Aet v5.0 features greater sequence contiguity and improved annotation	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Wang, Le; Zhu, Tingting; Rodriguez, Juan C.; Deal, Karin R.; Dubcovsky, Jorge; McGuire, Patrick E.; Lux, Thomas; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Baldrich, Patricia; Meyers, Blake C.; Huo, Naxin; Gu, Yong Q.; Zhou, Hongye; Devos, Katrien M.; Bennetzen, Jeffrey L.; Unver, Turgay; Budak, Hikmet; Gulick, Patrick J.; Galiba, Gabor; Kalapos, Balázs; Nelson, David R.; Li, Pingchuan; You, Frank M.; Luo, Ming-Cheng; Dvorak, Jan	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 13.09.2021
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 13
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 74
	14. Tabellen 6
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Aegilops tauschii ist der Spender des D -Subgenoms von Hexaploidweizen und einer wichtigen genetischen Ressource. Die Referenzqualitätsgenomsequenz AET v4.0 für AE. tauschii acc. AI8/78 war daher ein wichtiger Meilenstein für Weizenbiologie und Zucht. Weitere Fortschritte bei der Sequenzierung ACC. AI8/78 und Freisetzung der Aet V5.0 -Sequenzanordnung werden hier angegeben. Zwei neue optische Karten wurden konstruiert und zur Überarbeitung von Pseudomolekülen verwendet. Die Lücken wurden mit langlesenen Contigs der pazifischen Bioschiens geschlossen, was die Lückenzahl um 38.899 verringerte. Transponierbare Elemente und proteinkodierende Gene wurden erneut aufgeteilt. Die Anzahl der kommentierten High-Confidence-Gene wurde in AET V4.0 auf 32.885 in AET V5,0 von 39.635 reduziert. Insgesamt 2245 biologisch wichtige Gene, einschließlich solcher, die die Pflanzenphänologie, die Kornqualität und die Toleranz von abiotischen Belastungen in Weizen beeinflussen, wurden manuell annotiert und die Erkrankungsresistenzgene wurden von einer dedizierten Pipeline kommentiert. Krankheitsresistenzgene, die Nukleotid-Bindungsstellendomänen, rezeptorähnliche Proteinkinasen und Rezeptor-ähnliche Proteine kodieren, wurden bevorzugt in distalen Chromosomregionen lokalisiert, während diejenigen, die Transmembran-Coiled-Coil-Proteine codieren, gleicherleier an den Chromosomen verstrickt waren. Entdeckungs-, Annotations- und Expressionsanalysen von microRNA -Vorläufern (miRNA), reife miRNAs und PhaseiRNAs werden berichtet, einschließlich miRNA -Zielgene. Andere kleine RNAs wie HC-siRNAs und TRFs wurden charakterisiert. Diese Fortschritte verbessern die Nützlichkeit der AE. Tauschii -Genomsequenz für Weizengenetik, Biotechnologie und Zucht.</p>	
19. Schlagwörter disease resistance; miRNA; phasiRNA; hc-siRNA; tRNA; tRF; transposable elements; optical map; Pacific Biosciences	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41587-021-01058-4	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Population genomic analysis of Aegilops tauschii identifies targets for bread wheat improvement	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Gaurav, Kumar; Arora, Sanu; Silva, Paula; Sánchez-Martín, Javier; Horsnell, Richard; Gao, Liangliang; Brar, Gurcharn S.; Widrig, Victoria; John Raupp, W.; Singh, Narinder; Wu, Shuangye; Kale, Sandip M.; Chinoy, Catherine; Nicholson, Paul; Quiroz-Chávez, Jesús; Simmonds, James; Hayta, Sadiye; Smedley, Mark A.; Harwood, Wendy; Pearce, Suzannah; Gilbert, David; Kangara, Ngonidzashe; Gardener, Catherine; Forner-Martínez, Macarena; Liu, Jiaqian; Yu, Guotai; Boden, Scott A.; Pascucci, Attilio; Ghosh, Sreya; Hafeez, Amber N.; O'Hara, Tom; Waites, Joshua; Cheema, Jitender; Steuernagel, Burkhard; Patpour, Mehran; Justesen, Annemarie Fejer; Liu, Shuyu; Rudd, Jackie C.; Avni, Raz; Sharon, Amir; Steiner, Barbara; Kirana, Rizky Psthika; Buerstmayr, Hermann; Mehrabi, Ali A.; Nasyrova, Firuza Y.; Chayut, Noam; Matny, Oadi; Steffenson, Brian J.; Sandhu, Nitika; Chhuneja, Parveen; Lagudah, Evans; Elkot, Ahmed F.; Tyrrell, Simon; Bian, Xingdong; Davey, Robert P.; Simonsen, Martin; Schauser, Leif; Tiwari, Vijay K.; Randy Kutcher, H.; Hucl, Pierre; Li, Aili; Liu, Deng-Cai; Mao, Long; Xu, Steven; Brown-Guedira, Gina; Faris, Justin; Dvorak, Jan; Luo, Ming-Cheng; Krasileva, Ksenia; Lux, Thomas; Artmeier, Susanne; Mayer, Klaus F. X.; Uauy, Cristobal; Mascher, Martin; Bentley, Alison R.; Keller, Beat; Poland, Jesse; Wulff, Brande B. H.	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 01.11.2021
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 14
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 76
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Aegilops tauschii, der diploide wilde Vorläufer des D -Subgenoms von Brotweizen, ist ein Reservoir der genetischen Vielfalt zur Verbesserung der Leistung von Brotweizen und zur Widerstandsfähigkeit der Umwelt. Hier sequenziert wir 242 ae. Tausschii - Akzessionen und verglichen sie mit dem Subgenom mit Weizen -D, um die genomische Vielfalt zu charakterisieren. Wir fanden, dass eine seltene Linie von AE. Tausschii Geografisch auf die heutige Georgien beschränkte das Subgenom in den unabhängigen Hybridisierungen, die zu modernem Brotweizen führten, zum Weizen-D-Subgenom. Durch die K-MER-basierte Assoziationskartierung identifizierten wir diskrete Genomregionen mit Kandidatengenen für Krankheiten und Schädlingsresistenz und zeigten ihren funktionellen Übertragungen in Weizen durch Transgenese und breites Kreuzung, einschließlich der Erzeugung einer Bibliothek von Hexaploiden, die vielfältige AE einbezogen haben. tausschii Genome. Nutzung der genomischen Vielfalt der AE. tausschii angesammeltes diploides Genom ermöglicht eine schnelle Entdeckung und funktionelle genetische Validierung in einem hexaploiden Hintergrund, der für die Zucht zugeordnet werden kann.	
19. Schlagwörter Genome informatics, Genome-wide association studies, Plant breeding, Plant domestication, Plant immunity	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1002/ggn2.202100022	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Transposable Element Populations Shed Light on the Evolutionary History of Wheat and the Complex Co-Evolution of Autonomous and Non-Autonomous Retrotransposons	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Wicker, Thomas; Stritt, Christoph; Sotiropoulos, Alexandros G.; Poretti, Manuel; Pozniak, Curtis; Walkowiak, Sean; Gundlach, Heidrun; Stein, Nils	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 09.12.2021
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 17
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 42
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 7
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Weizen hat eines der größten und sich wiederholendsten Genome bei großen Ernteanlagen, die über 85 % transponierbare Elemente (TEs) enthalten. TEs bevölkern Genome in der Art und Weise, wie Individuen Ökosysteme bevölkern und sich in verschiedene Abstammungslinien, Unterfamilien und Subpopulationen diversifizieren. Die jüngste Verfügbarkeit hochwertiger Genomsequenzen im Chromosomenmaßstab aus zehn Weizenlinien ermöglicht eine detaillierte Analyse, wie sich TEs in Allohexaploid-Weizen, seinen Diploiden-Vorläufern und in verschiedenen chromosomalen Haplotyp-Segmenten entwickelt haben. LTR-Retrotransposonfamilien entwickelten sich zu unterschiedlichen Subpopulationen und Unterfamilien, die in Wellen mit mehreren hunderttausend Jahren aktiv waren. Darüber hinaus wird gezeigt, dass verschiedene Retrotransposon-Subfamilien in den drei Weizen-Subgenomen aktiv waren, was sie nützliche Marker zum Untersuchung und Datum der Polyploidisierungsereignisse und Chromosomumlagerungen machte. Zusätzlich werden haplotypspezifische TE-Unterfamilien verwendet, um chromosomale Introgressionen in verschiedenen Weizenlinien zu charakterisieren. Darüber hinaus entwickelten sich Populationen nichtautonomer TEs über Millionen von Jahren mit ihren autonomen Partnern zusammen, was zu komplexen Systemen mit mehreren Arten von autonomen, semi-autonomen und nichtautonomen Elementen führte. Phylogenetische und TE-Populationsanalysen zeigten die Beziehungen zwischen nichtautonomen Elementen und ihren mobilisierenden autonomen Partnern. Die TE -Populationsanalyse lieferte Einblicke in die Genomentwicklung von Allohexaploidenweizen und genetische Artenvielfalt und kann implizieren für zukünftige Pflanzenzüchtungen.	
19. Schlagwörter chromosomal introgression, LTR-retrotransposon, non-autonomous element, TE population	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/dnares/dsac001	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Sakkour, Areej; Mascher, Martin; Himmelbach, Axel; Haberer, Georg; Lux, Thomas; Spannagl, Manuel; Stein, Nils; Kawamoto, Shoko; Sato, Kazuhiro	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 12.01.2022
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 8
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 46
	14. Tabellen 4
	15. Abbildungen 3
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Kultivierte Gerste (<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>Vulgare</i>) wird für Nahrung, Tierfutter und alkoholische Getränke verwendet und in gemäßigten Regionen weit verbreitet. Sowohl Gerste als auch sein Wild-Vorläufer (<i>H. vulgare</i> ssp. <i>Spontaneum</i>) haben große 5,1-GB-Genome. Kürzlich wurden in letzter Zeit hochwertige Versammlungen im Chromosomenmaßstab für verschiedene repräsentative Gerstegenotypen konstruiert, um die aufstrebende Gersten-Pan-Genom-Infrastruktur zu bevölkern. Hier veröffentlichen wir eine Versammlung im Chromosomenmaßstab der japanischen Elite-Gerstensorte „Haruna Nijo“ unter Verwendung einer ähnlichen Methodik wie im Rahmen des Gersten-Pan-Genom-Projekts. Die 4,28-GB-Baugruppe hatte eine Größe von N50 von 18,9 MB. Die Baugruppe zeigte eine hohe Kollinearität mit der Ress -Genom -Mox -Sorte mit einigen Inversionen. Die Pseudomolekül-Assemblierung wurde unter Verwendung von Transkript-Nachweisen einer Genprojektion charakterisiert, die aus der Annotation des Referenzgens und der De-novo-Gen-Annotation unter Verwendung der veröffentlichten cDNA-Sequenzen in voller Länge und RNA-Seq-Daten für „Haruna Nijo“ abgeleitet wurde. Wir fanden eine gute Übereinstimmung zwischen unserer Versammlung des gesamten Genoms und der öffentlich verfügbaren BAC-Klonsequenz von „Haruna Nijo“. Interessante Phänotypen wurden seitdem in Haruna Nijo identifiziert; Seine Genomsequenzanordnung wird die Identifizierung der zugrunde liegenden Gene erleichtern.	
19. Schlagwörter Hordeum vulgare, full-length cDNA, RNA-Seq, genome sequencing, pseudomolecules	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1111/tpj.15664	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Genome sequences of three Aegilops species of the section Sitopsis reveal phylogenetic relationships and provide resources for wheat improvement	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Avni, Raz; Lux, Thomas; Minz-Dub, Anna; Millet, Eitan; Sela, Hanan; Distelfeld, Assaf; Deek, Jasline; Yu, Guotai; Steuernagel, Burkhard; Pozniak, Curtis; Ens, Jennifer; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Himmelbach, Axel; Stein, Nils; Mascher, Martin; Spannagl, Manuel; Wulff, Brande B. H.; Sharon, Amir	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 12.02.2022
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 14
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 73
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 6
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Aegilops ist ein enger Verwandter von Weizen (<i>Triticum</i> spp.), und Aegilops -Arten in der Sitopsis sind ein reichhaltiges Reservoir der genetischen Vielfalt zur Verbesserung des Weizens. Um ihre Vielfalt zu verstehen und ihre Nutzung voranzutreiben, haben wir Versammlungen von Aegilops Longissima und Aegilops Speltoides im gesamten Genom produziert. Vergleichende Analyse des gesamten Genoms zusammen mit dem kürzlich sequenzierten Aegilops Sharonensis-Genom zeigte, dass die AE. longissima und ae. Sharonensis -Genome sehr ähnlich sind und am engsten mit dem Subgenom mit Weizen und in Verbindung. Im Gegensatz dazu die AE. Das Speltoides -Genom ist enger mit dem B -Subgenom verwandt. Die Haplotyp -Blockanalyse unterstützte die Idee, dass AE. Das Speltoides -Genom ist dem Subgenom des Weizens B am nächsten und hob variable und ähnliche genomische Regionen zwischen den drei Aegilops -Arten und dem Weizen hervor. Die genomweite Analyse von Nucleotidbindungsleucin-reichen Repeat-Genen (NLR) zeigte speziesspezifische und linienspezifische NLR-Gene und -varianten, was das Potenzial von AEGILOPS-Genomen für die Verbesserung der Weizen zeigt.	
19. Schlagwörter Aegilops, Sitopsis, genome sequence, annotation, nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR), haplotype	
20. Verlag Wiley	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s41586-022-04732-y	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Kamal, Nadia; Tsardakas Renhuldt, Nikos; Bentzer, Johan; Gundlach, Heidrun; Haberer, Georg; Juhász, Angéla; Lux, Thomas; Bose, Utpal; Tye-Din, Jason A.; Lang, Daniel; van Gessel, Nico; Reski, Ralf; Fu, Yong-Bi; Spégel, Peter; Ceplitis, Alf; Himmelbach, Axel; Waters, Amanda J.; Bekele, Wubishet A.; Colgrave, Michelle L.; Hansson, Mats; Stein, Nils; Mayer, Klaus F. X.; Jellen, Eric N.; Maughan, Peter J.; Tinker, Nicholas A.; Mascher, Martin; Olsson, Olof; Spannagl, Manuel; Sirijovski, Nick	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. Veröffentlichungsdatum 18.05.2022
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 8
	13. Literaturangaben 54
16. Zusätzliche Angaben	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 4
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Kultivierter Hafer (<i>Avena sativa</i> L.) ist ein Allohexaploid (AACCCDD, $2N = 6x = 42$), der vor mehr als 3.000 Jahren domestiziert wurde, während er als Unkraut in Weizen-, Emmer- und Gerstenfeldern in Anatolia^{1,2} wächst. Oat hat einen niedrigen CO₂-Fußabdruck, erhebliche gesundheitliche Vorteile und das Potenzial, Lebensmittel auf tierbasierten Produkten zu ersetzen. Das Fehlen eines vollständig kommentierten Referenzgenoms hat jedoch die Bemühungen behindert, seine komplexe Evolutionsgeschichte und die funktionelle Gendynamik zu entsprechen. Hier präsentieren wir ein hochwertiges Referenzgenom von <i>A. sativa</i> und enge Verwandte seiner Diploid (<i>Avena Longiglumis</i>, AA, $2N = 14$) und Tetraploid (<i>Avena Insularis</i>, CCDD, $2n = 4x = 28$) Vorläufer. Wir zeigen die Mosaikstruktur des Hafergenoms, spenden groß angelegte genomische Reorganisationen in der Polyploidisierungsgeschichte von Hafer und veranschaulichen eine Züchtungsbarriere, die mit der Genomarchitektur von Hafer verbunden ist. Wir zeigen detaillierte Analysen von Genfamilien, die an der menschlichen Gesundheit und Ernährung beteiligt sind, was die Beweise für die Sicherheit der Hafer in glutenfreien Diäten erhöht, und wir führen die Kartierung durch Sequenzierung eines agronomischen Merkmals im Zusammenhang mit der Effizienz des Wassernutzung durch. Diese Ressource für die Gattung der <i>Avena</i> wird dazu beitragen, Wissen aus anderen Getreidegenomen zu nutzen, das Verständnis der grundlegenden Haferbiologie zu verbessern und die genomischunterstützte Zucht und die Reanalyse quantitativer Merkmals zu beschleunigen.</p>	
19. Schlagwörter Agricultural genetics, Evolutionary genetics, Genomics, Plant breeding, Polyploidy in plants	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1038/s42003-022-03256-5	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Genome analysis in Avena sativa reveals hidden breeding barriers and opportunities for oat improvement	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Tinker, Nicholas A.; Wight, Charlene P.; Bekele, Wubishet A.; Yan, Weikai; Jellen, Eric N.; Renhuldt, Nikos Tsardakas; Sirijovski, Nick; Lux, Thomas; Spannagl, Manuel; Mascher, Martin	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 18.05.2022
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 11
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 48
	14. Tabellen 3
	15. Abbildungen 2
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Hafer (<i>Avena Sativa</i> L.) ist eine wichtige und nahrhafte Getreideernte, und es besteht wachsend, Gene zu identifizieren, die zu verbesserten Hafersorten beitragen. Hier verwenden wir ein neu sequenziertes und kommentiertes Haferreferenzgenom, um quantitative Merkmale (QTLs) zu lokalisieren und zu charakterisieren, die sich in fünf Haferpopulationen auswirken. Wir finden starke und signifikante Assoziationen zwischen den Positionen von Kandidatengenen und QTL, die das Überschriftendatum beeinflussen, sowie solche, die die Konzentrationen von Öl und β -Glucan im Korn beeinflussen. Wir untersuchen die genomweiten Rekombinationsprofile, um das Vorhandensein einer großen, unausgeglichenen Translokation von Chromosom 1 C auf 1 A und einer möglichen Inversion auf Chromosom 7d zu bestätigen. Solche Chromosomen-Umlagerungen scheinen in Hafer üblich zu sein, wo sie eine Unterdrückung von Pseudoverbindung und Rekombination verursachen und die Segregation, Lokalisierung und den Einsatz von QTLs in Zuchtprogrammen beeinflussen.	
19. Schlagwörter Agricultural genetics, Comparative genomics	
20. Verlag Springer Science and Business Media LLC	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1093/plphys/kiac331	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Parasitic plant small RNA analyses unveil parasite-specific signatures of microRNA retention, loss, and gain	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Zangishei, Zahra; Annacondia, Maria Luz; Gundlach, Heidrun; Didriksen, Alena; Bruckmüller, Julien; Salari, Hooman; Krause, Kirsten; Martinez, German	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
	6. Veröffentlichungsdatum 21.07.2022
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 18
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. Literaturangaben 82
	14. Tabellen 0
	15. Abbildungen 7
16. Zusätzliche Angaben	
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung <p>Parasitismus ist eine erfolgreiche Lebensstrategie, die sich in mehreren Familien von Gefäßpflanzen unabhängig entwickelt hat. Die Gattungen <i>Cuscuta</i> und <i>Orobanche</i> stellen Beispiele für die beiden zutiefst unterschiedlichen Gruppen von Parasiten dar: ein parasitierender Wirtstrieb und die anderen infizierenden Wirtswurzeln. In dieser Studie haben wir das Gesamtrepertoire kleiner RNAs aus <i>Cuscuta campestris</i> und <i>Orobanche aegyptiaca</i> sequenziert und beschrieben. Wir haben gezeigt, dass <i>C. campestris</i> zusätzlich zu einer auffälligen Aufbewahrung von miRNAs eine Reihe neuer microRNAs (miRNAs) enthält, die in anderen Solanales typischerweise fehlen, während mehrere typisch konservierte miRNAs im Parasiten veraltet zu sein scheinen. Eine neue miRNA scheint aus einem horizontalen Gentransferereignis abgeleitet zu sein. Die explorative Analyse der miRNA - Population (explorativ aufgrund des Fehlens einer vollständigen genomischen Sequenz als Referenz) aus der Wurzelparasitär <i>Oegyptiaca</i> ergab auch einen Verlust einer Reihe von miRNAs im Vergleich zu photosynthetischen Spezies aus derselben Ordnung. Zusammenfassend zeigt unsere Studie teilweise ähnliche evolutionäre Signaturen in der RNA -Silencing -Maschinerie in beiden Parasiten. Unsere Daten haben den Beweis für die Dynamik dieses regulatorischen Mechanismus in parasitären Pflanzen.</p>	
19. Schlagwörter parasitic plant, <i>Cuscuta campestris</i> , small RNA	
20. Verlag Oxford University Press (OUP)	21. Preis unbekannt

Berichtsblatt

1. ISBN oder ISSN 10.1016/j.cell.2022.06.045	2. Berichtsart (Schlussbericht oder Veröffentlichung) Veröffentlichung
3. Titel Repeat-based holocentromeres influence genome architecture and karyotype evolution	
4. Autor(en) [Name(n), Vorname(n)] Hofstatter, Paulo G.; Thangavel, Gokilavani; Lux, Thomas; Neumann, Pavel; Vondrak, Tihana; Novak, Petr; Zhang, Meng; Costa, Lucas; Castellani, Marco; Scott, Alison; Toegelová, Helena; Fuchs, Joerg; Mata-Sucre, Yennifer; Dias, Yhanndra; Vanzela, André L. L.; Huettel, Bruno; Almeida, Cicero C. S.; Šimková, Hana; Souza, Gustavo; Pedrosa-Harand, Andrea; Macas, Jiri; Mayer, Klaus F. X.; Houben, Andreas; Marques, André	5. Abschlussdatum des Vorhabens 31.12.2021
8. Durchführende Institution(en) (Name, Adresse) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. Veröffentlichungsdatum 15.08.2022
	7. Form der Publikation Fachzeitschrift
	9. Ber. Nr. Durchführende Institution -
12. Fördernde Institution (Name, Adresse) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. Förderkennzeichen 031A536B
	11. Seitenzahl 17
	13. Literaturangaben 103
14. Tabellen 0	15. Abbildungen 7
	16. Zusätzliche Angaben
17. Vorgelegt bei (Titel, Ort, Datum)	
18. Kurzfassung Das Zentromer repräsentiert eine einzelne Region in den meisten eukaryotischen Chromosomen. Mehrere Pflanzen- und Tierlinien montieren jedoch Holozentromere entlang der gesamten Chromosomenlänge. Hier vergleichen wir die Genomorganisation und -entwicklung als Funktion des Zentromer-Typs, indem wir holozentrische Genome im Chromosomenmaßstab mit wiederholten Holocentromeren aus drei Schnäppchen-Sedse (<i>Rhynchospora pubera</i> , <i>R. Breviscula</i> und <i>R. Tenuis</i>) und ihrer engsten monozentrischen Verwandtschaften zusammenstellen. <i>Juncus Offusus</i> . Wir zeigen, dass der Übergang zur Holozentrik die 3D-Genomarchitektur beeinflusst hat, indem sie genomische Kompartimente neu definieren und gleichzeitig die Centromerfunktion an Tausende von wiederholten Centromereinheiten genomweit verteilen. Wir entdecken eine komplexe Genomorganisation in <i>R. pubera</i> , die ihre unerwartete Oktoploidie verbirgt und eine deutliche Verringerung der Chromosomenzahl für <i>R. Tenuis</i> beschreiben, das nur zwei Chromosomen hat. Wir zeigen, dass Chromosomenfusionen, die durch wiederholte Holozentromere erleichtert wurden, die Karyotyp-Evolution und -Diploidisierung förderten. Unsere Studie beleuchtet daher einige wichtige Aspekte der Genomarchitektur und -entwicklung, die von der Zentromerorganisation beeinflusst werden.	
19. Schlagwörter spatial genome organization, genome regulation, centromere, holocentric chromosomes, <i>Rhynchospora</i> , transposable elements, whole-genome duplication, dysploidy	
20. Verlag Elsevier BV	21. Preis unbekannt

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/nar/gkv1130	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title PGSB PlantsDB: updates to the database framework for comparative plant genome research	
4. author(s) (family name, first name(s)) Spannagl, Manuel; Nussbaumer, Thomas; Bader, Kai C.; Martis, Mihaela M.; Seidel, Michael; Kugler, Karl G.; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 02.11.2015
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 7
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 24
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract PGSB (Plant Genome and Systems Biology: formerly MIPS) PlantsDB (http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/index.jsp) is a database framework for the comparative analysis and visualization of plant genome data. The resource has been updated with new data sets and types as well as specialized tools and interfaces to address user demands for intuitive access to complex plant genome data. In its latest incarnation, we have re-worked both the layout and navigation structure and implemented new keyword search options and a new BLAST sequence search functionality. Actively involved in corresponding sequencing consortia, PlantsDB has dedicated special efforts to the integration and visualization of complex triticeae genome data, especially for barley, wheat and rye. We enhanced CrowsNest, a tool to visualize syntenic relationships between genomes, with data from the wheat sub-genome progenitor <i>Aegilops tauschii</i> and added functionality to the PGSB RNASeqExpressionBrowser. GenomeZipper results were integrated for the genomes of barley, rye, wheat and perennial ryegrass and interactive access is granted through PlantsDB interfaces. Data exchange and cross-linking between PlantsDB and other plant genome databases is stimulated by the transPLANT project (http://transplantdb.eu/).	
19. keywords plant genome database	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9781493931675.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title PGSB/MIPS Plant Genome Information Resources and Concepts for the Analysis of Complex Grass Genomes	
4. author(s) (family name, first name(s)) Spannagl, Manuel; Bader, Kai; Pfeifer, Matthias; Nussbaumer, Thomas; Mayer, Klaus F. X.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 15.01.2016
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 22
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 52
	14. no. of tables 2
	15. no. of figures 4
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract PGSB (Plant Genome and Systems Biology; formerly MIPS—Munich Institute for Protein Sequences) has been involved in developing, implementing and maintaining plant genome databases for more than a decade. Genome databases and analysis resources have focused on individual genomes and aim to provide flexible and maintainable datasets for model plant genomes as a backbone against which experimental data, e.g., from high-throughput functional genomics, can be organized and analyzed. In addition, genomes from both model and crop plants form a scaffold for comparative genomics, assisted by specialized tools such as the CrowsNest viewer to explore conserved gene order (synteny) between related species on macro- and micro-levels.	
19. keywords PlantsDB, Wheat genome, Barley genome, GenomeZipper, CrowsNest synteny browser	
20. publisher Springer New York	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1111/nph.14110	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Rye B chromosomes encode a functional Argonaute-like protein with in vitro slicer activities similar to its A chromosome paralog	
4. author(s) (family name, first name(s)) Ma, Wei; Gabriel, Tobias Sebastian; Martis, Mihaela Maria; Gursinsky, Torsten; Schubert, Veit; Vrána, Jan; Doležel, Jaroslav; Grundlach, Heidrun; Altschmied, Lothar; Scholz, Uwe; Himmelbach, Axel; Behrens, Sven-Erik; Banaei-Moghaddam, Ali Mohammad; Houben, Andreas	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 28.07.2016
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 13
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 76
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract B chromosomes (Bs) are supernumerary, dispensable parts of the nuclear genome, which appear in many different species of eukaryote. So far, Bs have been considered to be genetically inert elements without any functional genes. Our comparative transcriptome analysis and the detection of active RNA polymerase II (RNAPII) in the proximity of B chromatin demonstrate that the Bs of rye (<i>Secale cereale</i>) contribute to the transcriptome. In total, 1954 and 1218 B-derived transcripts with an open reading frame were expressed in generative and vegetative tissues, respectively. In addition to B-derived transposable element transcripts, a high percentage of short transcripts without detectable similarity to known proteins and gene fragments from A chromosomes (As) were found, suggesting an ongoing gene erosion process. In vitro analysis of the A- and B-encoded AGO4B protein variants demonstrated that both possess RNA slicer activity. These data demonstrate unambiguously the presence of a functional AGO4B gene on Bs and that these Bs carry both functional protein coding genes and pseudogene copies. Thus, B-encoded genes may provide an additional level of gene control and complexity in combination with their related A-located genes. Hence, physiological effects, associated with the presence of Bs, may partly be explained by the activity of B-located (pseudo)genes.	
19. keywords Argonaute, B chromosomes, B-located genes, gene erosion, gene expression, pseudogenization, <i>Secale cereale</i>	
20. publisher Wiley	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9781493966585.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title PGSB/MIPS PlantsDB Database Framework for the Integration and Analysis of Plant Genome Data	
4. author(s) (family name, first name(s)) Spannagl, Manuel; Nussbaumer, Thomas; Bader, Kai; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 17.12.2016
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 12
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 19
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Plant Genome and Systems Biology (PGSB), formerly Munich Institute for Protein Sequences (MIPS) PlantsDB, is a database framework for the integration and analysis of plant genome data, developed and maintained for more than a decade now. Major components of that framework are genome databases and analysis resources focusing on individual (reference) genomes providing flexible and intuitive access to data. Another main focus is the integration of genomes from both model and crop plants to form a scaffold for comparative genomics, assisted by specialized tools such as the CrowsNest viewer to explore conserved gene order (synteny). Data exchange and integrated search functionality with/over many plant genome databases is provided within the transPLANT project.	
19. keywords PlantsDB, Plant genome database, Triticeae genomes, GenomeZipper, CrowsNest synteny browser, transPLANT	
20. publisher Springer New York	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1111/tpj.13436	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Towards a whole-genome sequence for rye (<i>Secale cereale</i> L.)	
4. author(s) (family name, first name(s)) Bauer, Eva; Schmutzer, Thomas; Barilar, Ivan; Mascher, Martin; Gundlach, Heidrun; Martis, Mihaela M.; Twardziok, Sven O.; Hackauf, Bernd; Gordillo, Andres; Wilde, Peer; Schmidt, Malthe; Korzun, Viktor; Mayer, Klaus F. X.; Schmid, Karl; Schön, Chris-Carolin; Scholz, Uwe	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 08.02.2017
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 17
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 100
	14. no. of tables 2
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>We report on a whole-genome draft sequence of rye (<i>Secale cereale</i> L.). Rye is a diploid Triticeae species closely related to wheat and barley, and an important crop for food and feed in Central and Eastern Europe. Through whole-genome shotgun sequencing of the 7.9-Gbp genome of the winter rye inbred line Lo7 we obtained a de novo assembly represented by 1.29 million scaffolds covering a total length of 2.8 Gbp. Our reference sequence represents nearly the entire low-copy portion of the rye genome. This genome assembly was used to predict 27 784 rye gene models based on homology to sequenced grass genomes. Through resequencing of 10 rye inbred lines and one accession of the wild relative <i>S. vavilovii</i>, we discovered more than 90 million single nucleotide variants and short insertions/deletions in the rye genome. From these variants, we developed the high-density Rye600k genotyping array with 600 843 markers, which enabled anchoring the sequence contigs along a high-density genetic map and establishing a synteny-based virtual gene order. Genotyping data were used to characterize the diversity of rye breeding pools and genetic resources, and to obtain a genome-wide map of selection signals differentiating the divergent gene pools. This rye whole-genome sequence closes a gap in Triticeae genome research, and will be highly valuable for comparative genomics, functional studies and genome-based breeding in rye.</p>	
19. keywords <i>Secale cereale</i> L., rye, whole-genome shotgun sequencing, de novo genome assembly, single nucleotide variants, Rye600k genotyping array, high-density genetic map, rye genome zipper, diversity, selection signals	
20. publisher Wiley	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1101/gr.217117.116	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title An improved assembly and annotation of the allohexaploid wheat genome identifies complete families of agronomic genes and provides genomic evidence for chromosomal translocations	
4. author(s) (family name, first name(s)) Clavijo, Bernardo J.; Venturini, Luca; Schudoma, Christian; Accinelli, Gonzalo Garcia; Kaithakottil, Gemy; Wright, Jonathan; Borrill, Philippa; Kettleborough, George; Heavens, Darren; Chapman, Helen; Lipscombe, James; Barker, Tom; Lu, Fu-Hao; McKenzie, Neil; Raats, Dina; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Coince, Aurore; Peel, Ned; Percival-Alwyn, Lawrence; Duncan, Owen; Trösch, Josua; Yu, Guotai; Bolser, Dan M.; Namaati, Guy; Kerhornou, Arnaud; Spannagl, Manuel; Gundlach, Heidrun; Haberer, Georg; Davey, Robert P.; Fosker, Christine; Palma, Federica Di; Phillips, Andrew L.; Millar, A. Harvey; Kersey, Paul J.; Uauy, Cristobal; Krasileva, Ksenia V.; Swarbreck, David; Bevan, Michael W.; Clark, Matthew D.	5. end of project 31.12.2021
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. publication date 18.04.2017
	7. form of publication Scientific journal
	9. originator's report no. -
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 13
	13. no. of references 63
14. no. of tables 4	15. no. of figures 6
	16. supplementary notes yes
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Advances in genome sequencing and assembly technologies are generating many high-quality genome sequences, but assemblies of large, repeat-rich polyploid genomes, such as that of bread wheat, remain fragmented and incomplete. We have generated a new wheat whole-genome shotgun sequence assembly using a combination of optimized data types and an assembly algorithm designed to deal with large and complex genomes. The new assembly represents >78% of the genome with a scaffold N50 of 88.8 kb that has a high fidelity to the input data. Our new annotation combines strand-specific Illumina RNA-seq and Pacific Biosciences (PacBio) full-length cDNAs to identify 104,091 high-confidence protein-coding genes and 10,156 noncoding RNA genes. We confirmed three known and identified one novel genome rearrangements. Our approach enables the rapid and scalable assembly of wheat genomes, the identification of structural variants, and the definition of complete gene models, all powerful resources for trait analysis and breeding of this key global crop.	
19. keywords improved wheat assembly	
20. publisher Cold Spring Harbor Laboratory	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/nature22043	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) Mascher, Martin; Gundlach, Heidrun; Himmelbach, Axel; Beier, Sebastian; Twardziok, Sven O.; Wicker, Thomas; Radchuk, Volodymyr; Dockter, Christoph; Hedley, Pete E.; Russell, Joanne; Bayer, Micha; Ramsay, Luke; Liu, Hui; Haberer, Georg; Zhang, Xiao-Qi; Zhang, Qisen; Barrero, Roberto A.; Li, Lin; Taudien, Stefan; Groth, Marco; Felder, Marius; Hastie, Alex; Šimková, Hana; Staňková, Helena; Vrána, Jan; Chan, Saki; Muñoz-Amatriain, María; Ounit, Rachid; Wanamaker, Steve; Bolser, Daniel; Colmsee, Christian; Schmutzer, Thomas; Aliyeva-Schnorr, Lala; Grasso, Stefano; Tanskanen, Jaakko; Chailyan, Anna; Sampath, Dharanya; Heavens, Darren; Clissold, Leah; Cao, Sujie; Chapman, Brett; Dai, Fei; Han, Yong; Li, Hua; Li, Xuan; Lin, Chongyun; McCooke, John K.; Tan, Cong; Wang, Penghao; Wang, Songbo; Yin, Shuya; Zhou, Gaofeng; Poland, Jesse A.; Bellgard, Matthew I.; Borisjuk, Ljudmilla; Houben, Andreas; Doležel, Jaroslav; Ayling, Sarah; Lonardi, Stefano; Kersey, Paul; Langridge, Peter; Muehlbauer, Gary J.; Clark, Matthew D.; Caccamo, Mario; Schulman, Alan H.; Mayer, Klaus F. X.; Platzer, Matthias; Close, Timothy J.; Scholz, Uwe; Hansson, Mats; Zhang, Guoping; Braumann, Ilka; Spannagl, Manuel; Li, Chengdao; Waugh, Robbie; Stein, Nils	5. end of project 31.12.2021
6. publication date 26.04.2017	
7. form of publication Scientific journal	
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
10. reference no. 031A536B	
11. no. of pages 10	
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 99
14. no. of tables 1	
15. no. of figures 5	
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Cereal grasses of the Triticeae tribe have been the major food source in temperate regions since the dawn of agriculture. Their large genomes are characterized by a high content of repetitive elements and large pericentromeric regions that are virtually devoid of meiotic recombination. Here we present a high-quality reference genome assembly for barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.). We use chromosome conformation capture mapping to derive the linear order of sequences across the pericentromeric space and to investigate the spatial organization of chromatin in the nucleus at megabase resolution. The composition of genes and repetitive elements differs between distal and proximal regions. Gene family analyses reveal lineage-specific duplications of genes involved in the transport of nutrients to developing seeds and the mobilization of carbohydrates in grains. We demonstrate the importance of the barley reference sequence for breeding by inspecting the genomic partitioning of sequence variation in modern elite germplasm, highlighting regions vulnerable to genetic erosion.	
19. keywords Agricultural genetics, DNA sequencing, Genome, Natural variation in plants, Plant genetics	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1126/science.aan0032	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication	
4. author(s) (family name, first name(s)) Avni, Raz; Nave, Moran; Barad, Omer; Baruch, Kobi; Twardziok, Sven O.; Gundlach, Heidrun; Hale, Iago; Mascher, Martin; Spannagl, Manuel; Wiebe, Krystalee; Jordan, Katherine W.; Golan, Guy; Deek, Jasline; Ben-Zvi, Batsheva; Ben-Zvi, Gil; Himmelbach, Axel; MacLachlan, Ron P.; Sharpe, Andrew G.; Fritz, Allan; Ben-David, Roi; Budak, Hikmet; Fahima, Tzion; Korol, Abraham; Faris, Justin D.; Hernandez, Alvaro; Mikel, Mark A.; Levy, Avraham A.; Steffenson, Brian; Maccaferri, Marco; Tuberosa, Roberto; Cattivelli, Luigi; Faccioli, Primetta; Ceriotti, Aldo; Kashkush, Khalil; Pourkheirandish, Mohammad; Komatsuda, Takao; Eilam, Tamar; Sela, Hanan; Sharon, Amir; Ohad, Nir; Chamovitz, Daniel A.; Mayer, Klaus F. X.; Stein, Nils; Ronen, Gil; Peleg, Zvi; Pozniak, Curtis J.; Akhunov, Eduard D.; Distelfeld, Assaf	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 07.07.2017
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 4
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 57
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 4
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Wheat (<i>Triticum</i> spp.) is one of the founder crops that likely drove the Neolithic transition to sedentary agrarian societies in the Fertile Crescent more than 10,000 years ago. Identifying genetic modifications underlying wheat's domestication requires knowledge about the genome of its allo-tetraploid progenitor, wild emmer (<i>T. turgidum</i> ssp. <i>dicoccoides</i>). We report a 10.1-gigabase assembly of the 14 chromosomes of wild tetraploid wheat, as well as analyses of gene content, genome architecture, and genetic diversity. With this fully assembled polyploid wheat genome, we identified the causal mutations in Brittle Rachis 1 (TtBtr1) genes controlling shattering, a key domestication trait. A study of genomic diversity among wild and domesticated accessions revealed genomic regions bearing the signature of selection under domestication. This reference assembly will serve as a resource for accelerating the genome-assisted improvement of modern wheat varieties.	
19. keywords wild emmer reference genome	
20. publisher American Association for the Advancement of Science (AAAS)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/nature24486	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Genome sequence of the progenitor of the wheat D genome <i>Aegilops tauschii</i>	
4. author(s) (family name, first name(s)) Luo, Ming-Cheng; Gu, Yong Q.; Puiu, Daniela; Wang, Hao; Twardziok, Sven O.; Deal, Karin R.; Huo, Naxin; Zhu, Tingting; Wang, Le; Wang, Yi; McGuire, Patrick E.; Liu, Shuyang; Long, Hai; Ramasamy, Ramesh K.; Rodriguez, Juan C.; Van, Sonny L.; Yuan, Luxia; Wang, Zhenzhong; Xia, Zhiqiang; Xiao, Lichan; Anderson, Olin D.; Ouyang, Shuhong; Liang, Yong; Zimin, Aleksey V.; Pertea, Geo; Qi, Peng; Bennetzen, Jeffrey L.; Dai, Xiongtao; Dawson, Matthew W.; Müller, Hans-Georg; Kugler, Karl; Rivarola-Duarte, Lorena; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Lu, Fu-Hao; Bevan, Michael W.; Leroy, Philippe; Li, Pingchuan; You, Frank M.; Sun, Qixin; Liu, Zhiyong; Lyons, Eric; Wicker, Thomas; Salzberg, Steven L.; Devos, Katrien M.; Dvořák, Jan	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 01.11.2017
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 10
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 76
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract A combination of advanced sequencing and mapping techniques is used to produce a reference genome of <i>Aegilops tauschii</i> , progenitor of the wheat D genome, providing a valuable resource for comparative genetic studies.	
19. keywords Genome evolution, Plant evolution	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1016/j.jbiotec.2017.06.003	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title From plant genomes to phenotypes	
4. author(s) (family name, first name(s)) Bolger, Marie; Schwacke, Rainer; Gundlach, Heidrun; Schmutzer, Thomas; Chen, Jinbo; Arend, Daniel; Oppermann, Markus; Weise, Stephan; Lange, Matthias; Fiorani, Fabio; Spannagl, Manuel; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus; Usadel, Björn	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 15.11.2017
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 7
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 80
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 1
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Recent advances in sequencing technologies have greatly accelerated the rate of plant genome and applied breeding research. Despite this advancing trend, plant genomes continue to present numerous difficulties to the standard tools and pipelines not only for genome assembly but also gene annotation and downstream analysis. Here we give a perspective on tools, resources and services necessary to assemble and analyze plant genomes and link them to plant phenotypes.	
19. keywords Plant genomes, Plant bioinformatics, Plant genome annotation, Phenotyping	
20. publisher Elsevier BV	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1016/j.jbiotec.2017.07.006	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Bioinformatics in the plant genomic and phenomic domain: The German contribution to resources, services and perspectives	
4. author(s) (family name, first name(s)) Schmutzer, Thomas; Bolger, Marie E.; Rudd, Stephen; Chen, Jinbo; Gundlach, Heidrun; Arend, Daniel; Oppermann, Markus; Weise, Stephan; Lange, Matthias; Spannagl, Manuel; Usadel, Björn; Mayer, Klaus F. X.; Scholz, Uwe	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 15.11.2017
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 9
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 47
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Plant genetic resources are a substantial opportunity for plant breeding, preservation and maintenance of biological diversity. As part of the German Network for Bioinformatics Infrastructure (de.NBI) the German Crop BioGreenformatics Network (GCBN) focuses mainly on crop plants and provides both data and software infrastructure which are tailored to the needs of the plant research community. Our mission and key objectives include: (1) provision of transparent access to germplasm seeds, (2) the delivery of improved workflows for plant gene annotation, and (3) implementation of bioinformatics services that link genotypes and phenotypes. This review introduces the GCBN's spectrum of web-services and integrated data resources that address common research problems in the plant genomics community.	
19. keywords Plant genomics, Plant bioinformatics, Plant genetic resources, Plant data publication, Plant phenomics	
20. publisher Elsevier BV	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1186/s13100-017-0102-3	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The repetitive landscape of the 5100 Mbp barley genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) Wicker, Thomas; Schulman, Alan H.; Tanskanen, Jaakko; Spannagl, Manuel; Twardziok, Sven; Mascher, Martin; Springer, Nathan M.; Li, Qing; Waugh, Robbie; Li, Chengdao; Zhang, Guoping; Stein, Nils; Mayer, Klaus F. X.; Gundlach, Heidrun	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 20.12.2017
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 16
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 38
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 8
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Background: While transposable elements (TEs) comprise the bulk of plant genomic DNA, how they contribute to genome structure and organization is still poorly understood. Especially in large genomes where TEs make the majority of genomic DNA, it is still unclear whether TEs target specific chromosomal regions or whether they simply accumulate where they are best tolerated. Results: Here, we present an analysis of the repetitive fraction of the 5100 Mb barley genome, the largest angiosperm genome to have a near-complete sequence assembly. Genes make only about 2% of the genome, while over 80% is derived from TEs. The TE fraction is composed of at least 350 different families. However, 50% of the genome is comprised of only 15 high-copy TE families, while all other TE families are present in moderate or low copy numbers. We found that the barley genome is highly compartmentalized with different types of TEs occupying different chromosomal "niches", such as distal, interstitial, or proximal regions of chromosome arms. Furthermore, gene space represents its own distinct genomic compartment that is enriched in small non-autonomous DNA transposons, suggesting that these TEs specifically target promoters and downstream regions. Furthermore, their presence in gene promoters is associated with decreased methylation levels. Conclusions: Our data show that TEs are major determinants of overall chromosome structure. We hypothesize that many of the the various chromosomal distribution patterns are the result of TE families targeting specific niches, rather than them accumulating where they have the least deleterious effects.	
19. keywords Barley Genome, Repetitive Landscape, Methylation Levels, Transposable Elements, Helitrons	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1111/tj.13794	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The pseudogenes of barley	
4. author(s) (family name, first name(s)) Prade, Verena M.; Gundlach, Heidrun; Twardziok, Sven; Chapman, Brett; Tan, Cong; Langridge, Peter; Schulman, Alan H.; Stein, Nils; Waugh, Robbie; Zhang, Guoping; Platzer, Matthias; Li, Chengdao; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 07.01.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 13
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 55
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 7
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Pseudogenes have a reputation of being 'evolutionary relics' or 'junk DNA'. While they are well characterized in mammals, studies in more complex plant genomes have so far been hampered by the absence of reference genome sequences. Barley is one of the economically most important cereals and has a genome size of 5.1 Gb. With the first high-quality genome reference assembly available for a Triticeae crop, we conducted a whole-genome assessment of pseudogenes on the barley genome. We identified, characterized and classified 89 440 gene fragments and pseudogenes scattered along the chromosomes, with occasional hotspots and higher densities at the chromosome ends. Full-length pseudogenes (11 015) have preferentially retained their exon-intron structure. Retrotransposition of processed mRNAs only plays a marginal role in their creation. However, the distribution of retroposed pseudogenes reflects the Rab1 configuration of barley chromosomes and thus hints at founding mechanisms. While parent genes related to the defense-response were found to be under-represented in cultivated barley, we detected several defense-related pseudogenes in wild barley accessions. The percentage of transcriptionally active pseudogenes is 7.2%, and these may potentially adopt new regulatory roles. The barley genome is rich in pseudogenes and small gene fragments mainly located towards chromosome tips or as tandemly repeated units. Our results indicate non-random duplication and pseudogenization preferences and improve our understanding of the dynamics of gene birth and death in large plant genomes and the mechanisms that lead to evolutionary innovations.</p>	
19. keywords pseudogenes, barley, Hordeum vulgare, plants, gene fragments, gene evolution	
20. publisher Wiley	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1111/tj.13801	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The Physcomitrella patens chromosome-scale assembly reveals moss genome structure and evolution	
4. author(s) (family name, first name(s)) Lang, Daniel; Ullrich, Kristian K.; Murat, Florent; Fuchs, Jörg; Jenkins, Jerry; Haas, Fabian B.; Piednoel, Mathieu; Gundlach, Heidrun; Van Bel, Michiel; Meyberg, Rabea; Vives, Cristina; Morata, Jordi; Symeonidi, Aikaterini; Hiss, Manuel; Muchero, Wellington; Kamisugi, Yasuko; Saleh, Omar; Blanc, Guillaume; Decker, Eva L.; van Gessel, Nico; Grimwood, Jane; Hayes, Richard D.; Graham, Sean W.; Gunter, Lee E.; McDaniel, Stuart F.; Hoernstein, Sebastian N. W.; Larsson, Anders; Li, Fay-Wei; Perroud, Pierre-François; Phillips, Jeremy; Ranjan, Priya; Rokshar, Daniel S.; Rothfels, Carl J.; Schneider, Lucas; Shu, Shengqiang; Stevenson, Dennis W.; Thümmler, Fritz; Tillich, Michael; Villarreal Aguilar, Juan C.; Widiez, Thomas; Wong, Gane Ka-Shu; Wymore, Ann; Zhang, Yong; Zimmer, Andreas D.; Quatrano, Ralph S.; Mayer, Klaus F. X.; Goodstein, David; Casacuberta, Josep M.; Vandepoele, Klaas; Reski, Ralf; Cuming, Andrew C.; Tuskan, Gerald A.; Maumus, Florian; Salse, Jérôme; Schmutz, Jeremy; Rensing, Stefan A.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 19.01.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 19
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 99
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>The draft genome of the moss model, <i>Physcomitrella patens</i>, comprised approximately 2000 unordered scaffolds. In order to enable analyses of genome structure and evolution we generated a chromosome-scale genome assembly using genetic linkage as well as (end) sequencing of long DNA fragments. We find that 57% of the genome comprises transposable elements (TEs), some of which may be actively transposing during the life cycle. Unlike in flowering plant genomes, gene- and TE-rich regions show an overall even distribution along the chromosomes. However, the chromosomes are mono-centric with peaks of a class of <i>Copia</i> elements potentially coinciding with centromeres. Gene body methylation is evident in 5.7% of the protein-coding genes, typically coinciding with low GC and low expression. Some giant virus insertions are transcriptionally active and might protect gametes from viral infection via siRNA mediated silencing. Structure-based detection methods show that the genome evolved via two rounds of whole genome duplications (WGDs), apparently common in mosses but not in liverworts and hornworts. Several hundred genes are present in colinear regions conserved since the last common ancestor of plants. These syntenic regions are enriched for functions related to plant-specific cell growth and tissue organization. The <i>P. patens</i> genome lacks the TE-rich pericentromeric and gene-rich distal regions typical for most flowering plant genomes. More non-seed plant genomes are needed to unravel how plant genomes evolve, and to understand whether the <i>P. patens</i> genome structure is typical for mosses or bryophytes.</p>	
19. keywords evolution, genome, chromosome, plant, moss, methylation, duplication, synteny, <i>Physcomitrella patens</i>	
20. publisher Wiley	21. price unknown

1. ISBN or ISSN 10.1186/s12859-018-2203-5	2. type of document (e.g. report, publication) publication	
3. title Combining RNA-seq data and homology-based gene prediction for plants, animals and fungi		
4. author(s) (family name, first name(s)) Keilwagen, Jens; Hartung, Frank; Paulini, Michael; Twardziok, Sven O.; Grau, Jan	5. end of project 31.12.2021	
	6. publication date 30.05.2018	
	7. form of publication Scientific journal	
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -	
	10. reference no. 031A536B	
	11. no. of pages 11	
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 39	
	14. no. of tables 2	
	15. no. of figures 4	
16. supplementary notes yes		
17. presented at (title, place, date) -		
18. abstract Background: Genome annotation is of key importance in many research questions. The identification of protein-coding genes is often based on transcriptome sequencing data, ab-initio or homology-based prediction. Recently, it was demonstrated that intron position conservation improves homology-based gene prediction, and that experimental data improves ab-initio gene prediction. Results: Here, we present an extension of the gene prediction program GeMoMa that utilizes amino acid sequence conservation, intron position conservation and optionally RNA-seq data for homology-based gene prediction. We show on published benchmark data for plants, animals and fungi that GeMoMa performs better than the gene prediction programs BRAKER1, MAKER2, and CodingQuarry, and purely RNA-seq-based pipelines for transcript identification. In addition, we demonstrate that using multiple reference organisms may help to further improve the performance of GeMoMa. Finally, we apply GeMoMa to four nematode species and to the recently published barley reference genome indicating that current annotations of protein-coding genes may be refined using GeMoMa predictions. Conclusions: GeMoMa might be of great utility for annotating newly sequenced genomes but also for finding homologs of a specific gene or gene family. GeMoMa has been published under GNU GPL3 and is freely available at http://www.jstacs.de/index.php/GeMoMa .		
19. keywords Homology-based gene prediction, RNA-seq, Genome annotation		
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown	

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1101/351429	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The genome and metabolome of the tobacco tree, <i>Nicotiana glauca</i> : a potential renewable feedstock for the bioeconomy	
4. author(s) (family name, first name(s)) Usade, Björn; Tohge, Takayuki; Scossa, Federico; Sierro, Nicolas; Schmidt, Maximilian; Vogel, Alexander; Bolger, Anthony; Kozlo, Amanda; Enfissi, Eugenia M. A.; Morrel, Kris; Regenauer, Manuel; Hallab, Asis; Ruprecht, Colin; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Koram, Yaw; Mayer, Klaus F. X.; Boerjan, Wout; Fraser, Paul D.; Persson, Staffan; Ivanov, Nikolai V.; Fernie, Alisdair R.	5. end of project 31.12.2021
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. publication date 20.06.2018
	7. form of publication Preprint
	9. originator's report no. -
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 30
	13. no. of references 70
16. supplementary notes yes	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 3
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Background: Given its tolerance to stress and its richness in particular secondary metabolites, the tobacco tree, <i>Nicotiana glauca</i> , has been considered a promising biorefinery feedstock that would not be competitive with food and fodder crops. Results: Here we present a 3.5 Gbp draft sequence and annotation of the genome of <i>N. glauca</i> spanning 731,465 scaffold sequences, with an N50 size of approximately 92 kbases. Furthermore, we supply a comprehensive transcriptome and metabolome analysis of leaf development comprising multiple techniques and platforms. The genome sequence is predicted to cover nearly 80% of the estimated total genome size of <i>N. glauca</i> . With 73,799 genes predicted and a BUSCO score of 94.9%, we have assembled the majority of gene-rich regions successfully. RNA-Seq data revealed stage-and/or tissue-specific expression of genes, and we determined a general trend of a decrease of tricarboxylic acid cycle metabolites and an increase of terpenoids as well as some of their corresponding transcripts during leaf development. Conclusion: The <i>N. glauca</i> draft genome and its detailed transcriptome, together with paired metabolite data, constitute a resource for future studies of valuable compound analysis in tobacco species and present the first steps towards a further resolution of phylogenetic, whole genome studies in tobacco.	
19. keywords Tobacco tree, draft assembly	
20. publisher Cold Spring Harbor Laboratory	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41467-018-04344-z	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Footprints of parasitism in the genome of the parasitic flowering plant <i>Cuscuta campestris</i>	
4. author(s) (family name, first name(s)) Vogel, Alexander; Schwacke, Rainer; Denton, Alisandra K.; Usadel, Björn; Hollmann, Julien; Fischer, Karsten; Bolger, Anthony; Schmidt, Maximilian H.-W.; Bolger, Marie E.; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Weiss-Schneeweiss, Hanna; Temsch, Eva M.; Krause, Kirsten	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 28.06.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 5
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 72
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>A parasitic lifestyle, where plants procure some or all of their nutrients from other living plants, has evolved independently in many dicotyledonous plant families and is a major threat for agriculture globally. Nevertheless, no genome sequence of a parasitic plant has been reported to date. Here we describe the genome sequence of the parasitic field dodder, <i>Cuscuta campestris</i>. The genome contains signatures of a fairly recent whole-genome duplication and lacks genes for pathways superfluous to a parasitic lifestyle. Specifically, genes needed for high photosynthetic activity are lost, explaining the low photosynthesis rates displayed by the parasite. Moreover, several genes involved in nutrient uptake processes from the soil are lost. On the other hand, evidence for horizontal gene transfer by way of genomic DNA integration from the parasite's hosts is found. We conclude that the parasitic lifestyle has left characteristic footprints in the <i>C. campestris</i> genome.</p>	
19. keywords Genome evolution, Plant molecular biology	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1126/science.aat1743	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Phylogenomics reveals multiple losses of nitrogen-fixing root nodule symbiosis	
4. author(s) (family name, first name(s)) Griesmann, Maximilian; Chang, Yue; Liu, Xin; Song, Yue; Haberer, Georg; Crook, Matthew B.; Billault-Penneteau, Benjamin; Laressesgues, Dominique; Keller, Jean; Imanishi, Leandro; Roswanjaya, Yuda Purwana; Kohlen, Wouter; Pujic, Petar; Battenberg, Kai; Allosio, Nicole; Liang, Yuhu; Hilhorst, Henk; Salgado, Marco G.; Hocher, Valerie; Gherbi, Hassen; Svistoonoff, Sergio; Doyle, Jeff J.; He, Shixu; Xu, Yan; Xu, Shanyun; Qu, Jing; Gao, Qiang; Fang, Xiaodong; Fu, Yuan; Normand, Philippe; Berry, Alison M.; Wall, Luis G.; Ané, Jean-Michel; Pawlowski, Katharina; Xu, Xun; Yang, Huanming; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Wong, Gane Ka-Shu; Parniske, Martin; Delaux, Pierre-Marc; Cheng, Shifeng	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 13.07.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 11
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 102
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract The root nodule symbiosis of plants with nitrogen-fixing bacteria affects global nitrogen cycles and food production but is restricted to a subset of genera within a single clade of flowering plants. To explore the genetic basis for this scattered occurrence, we sequenced the genomes of 10 plant species covering the diversity of nodule morphotypes, bacterial symbionts, and infection strategies. In a genome-wide comparative analysis of a total of 37 plant species, we discovered signatures of multiple independent loss-of-function events in the indispensable symbiotic regulator NODULE INCEPTION in 10 of 13 genomes of nonnodulating species within this clade. The discovery that multiple independent losses shaped the present-day distribution of nitrogen-fixing root nodule symbiosis in plants reveals a phylogenetically wider distribution in evolutionary history and a so-far-undereestimated selection pressure against this symbiosis.	
19. keywords nitrogen fixation, nodulation genes, phylogenomics	
20. publisher American Association for the Advancement of Science (AAAS)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1186/s13059-018-1477-2	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Chromosome-scale comparative sequence analysis unravels molecular mechanisms of genome dynamics between two wheat cultivars	
4. author(s) (family name, first name(s)) Thind, Anupriya Kaur; Wicker, Thomas; Müller, Thomas; Ackermann, Patrick M.; Steuernagel, Burkhard; Wulff, Brande B. H.; Spannagl, Manuel; Twardziok, Sven O.; Felder, Marius; Lux, Thomas; Mayer, Klaus F. X.; Keller, Beat; Krattinger, Simon G.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 17.08.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 16
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 80
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Background: Recent improvements in DNA sequencing and genome scaffolding have paved the way to generate high-quality de novo assemblies of pseudomolecules representing complete chromosomes of wheat and its wild relatives. These assemblies form the basis to compare the dynamics of wheat genomes on a megabase scale. Results: Here, we provide a comparative sequence analysis of the 700-megabase chromosome 2D between two bread wheat genotypes—the old landrace Chinese Spring and the elite Swiss spring wheat line 'CH Campala Lr22a'. Both chromosomes were assembled into megabase-sized scaffolds. There is a high degree of sequence conservation between the two chromosomes. Analysis of large structural variations reveals four large indels of more than 100 kb. Based on the molecular signatures at the breakpoints, unequal crossing over and double-strand break repair were identified as the molecular mechanisms that caused these indels. Three of the large indels affect copy number of NLRs, a gene family involved in plant immunity. Analysis of SNP density reveals four haploblocks of 4, 8, 9 and 48 Mb with a 35-fold increased SNP density compared to the rest of the chromosome. Gene content across the two chromosomes was highly conserved. Ninety-nine percent of the genic sequences were present in both genotypes and the fraction of unique genes ranged from 0.4 to 0.7%. Conclusions: This comparative analysis of two high-quality chromosome assemblies enabled a comprehensive assessment of large structural variations and gene content. The insight obtained from this analysis will form the basis of future wheat pan-genome studies.	
19. keywords bread wheat cultivars, 2D segment	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1126/science.aar7191	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) THE INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (IWGSC)	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 17.08.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 16
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 184
	14. no. of tables 3
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract An annotated reference sequence representing the hexaploid bread wheat genome in 21 pseudomolecules has been analyzed to identify the distribution and genomic context of coding and noncoding elements across the A, B, and D subgenomes. With an estimated coverage of 94% of the genome and containing 107,891 high-confidence gene models, this assembly enabled the discovery of tissue- and developmental stage-related coexpression networks by providing a transcriptome atlas representing major stages of wheat development. Dynamics of complex gene families involved in environmental adaptation and end-use quality were revealed at subgenome resolution and contextualized to known agronomic single-gene or quantitative trait loci. This community resource establishes the foundation for accelerating wheat research and application through improved understanding of wheat biology and genomics-assisted breeding.	
19. keywords bread wheat reference genome, Triticum aestivum	
20. publisher American Association for the Advancement of Science (AAAS)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1186/s13059-018-1479-0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Impact of transposable elements on genome structure and evolution in bread wheat	
4. author(s) (family name, first name(s)) Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Uauy, Cristobal; Borrill, Philippa; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Oliveira, Romain De; Mayer, Klaus F. X.; Paux, Etienne; Choulet, Frédéric	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 17.08.2018
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 18
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 58
	14. no. of tables 2
	15. no. of figures 8
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Background: Transposable elements (TEs) are major components of large plant genomes and main drivers of genome evolution. The most recent assembly of hexaploid bread wheat recovered the highly repetitive TE space in an almost complete chromosomal context and enabled a detailed view into the dynamics of TEs in the A, B, and D subgenomes. Results: The overall TE content is very similar between the A, B, and D subgenomes, although we find no evidence for bursts of TE amplification after the polyploidization events. Despite the near-complete turnover of TEs since the subgenome lineages diverged from a common ancestor, 76% of TE families are still present in similar proportions in each subgenome. Moreover, spacing between syntenic genes is also conserved, even though syntenic TEs have been replaced by new insertions over time, suggesting that distances between genes, but not sequences, are under evolutionary constraints. The TE composition of the immediate gene vicinity differs from the core intergenic regions. We find the same TE families to be enriched or depleted near genes in all three subgenomes. Evaluations at the subfamily level of timed long terminal repeat-retrotransposon insertions highlight the independent evolution of the diploid A, B, and D lineages before polyploidization and cases of concerted proliferation in the AB tetraploid. Conclusions: Even though the intergenic space is changed by the TE turnover, an unexpected preservation is observed between the A, B, and D subgenomes for features like TE family proportions, gene spacing, and TE enrichment near genes.	
19. keywords Transposable elements, Wheat genome, Genome evolution, LTR retrotransposons, Polyploidy, Triticum aestivum	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9783319925288.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Gene Prediction in the Barley Genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) Twardziok, Sven O.; Gundlach, Heidrun; Lux, Thomas; Hedley, Pete E.; Bayer, Micha; Platzer, Matthias; Groth, Marco; Waugh, Robbie; Spannagl, Manuel	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 19.08.2018
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 16
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 23
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Gene prediction in large and highly repetitive grass genomes like barley is complicated by large numbers of transposable elements (TEs), pseudogenes and often incomplete or un-/miss-oriented genomic sequence. In this chapter, we describe the automated gene prediction and annotation pipeline used for the latest barley reference genome sequence, as well as the genomic evidence used to predict gene models. Additional topics cover the (automated) functional annotation, the evaluation of the gene models, and a comprehensive discussion about shortcomings of the current annotation and ways to improve it further.	
19. keywords Barley gene prediction, Barley annotation, Barley genes	
20. publisher Springer International Publishing	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9783319925288.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The Repetitive Landscape of the Barley Genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Schulman, Alan H.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 19.08.2018
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 16
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 42
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 6
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>While transposable elements (TEs) comprise the bulk of plant genomic DNA, how they contribute to genome structure and organization is still poorly understood. Especially, in large genomes where TEs make the majority of genomic DNA, it is still unclear whether TEs target specific chromosomal regions or whether they simply accumulate where they are best tolerated. The barley genome with its vast repetitive fraction is an ideal system to study chromosomal organization and evolution of TEs. Genes make only about 2% of the genome, while over 80% is derived from TEs. The TE fraction is composed of at least 350 different families. However, 50% of the genome is comprised of only 15 high-copy TE families, while all other TE families are present in moderate or low-copy numbers. The barley genome is highly compartmentalized with different types of TEs occupying different chromosomal "niches", such as distal, interstitial or proximal regions of chromosome arms. Furthermore, gene space represents its own distinct genomic compartment that is enriched in small non-autonomous DNA transposons, suggesting that these TEs specifically target promoters and downstream regions. Some TE families also show a strong preference to insert in specific sequence motifs which may, in part, explain their distribution. The family-specific distribution patterns result in distinct TE compositions of different chromosomal compartments.</p>	
19. keywords Barley Genome, Repetitive Landscape, Transposable Elements, Helitrons, CACTA Elements	
20. publisher Springer International Publishing	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9783319925288.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Databases and Tools for the Analysis of the Barley Genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) Beier, Sebastian; Bolser, Daniel M.; Scholz, Uwe; Spannagl, Manuel; Kersey, Paul J.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 19.08.2018
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 18
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 42
	14. no. of tables 3
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Ever-increasing advances seen in barley genome sequencing over the last years have enabled scientists to generate databases and tools specially designed in helping researchers and breeders. Both genomic as well as expressed sequences were obtained through various experimental setups ranging from BAC sequencing over Illumina iSelect 9k SNP chip to RNA-Seq to form heterogeneous datasets. Where possible datasets were crosslinked and enriched in information to build a basis for further research. Ensembl Plants, a web portal designed for exploring genomic data for various plant species, have been utilized to explore differences and similarities between barley and its related species. Furthermore, the barley genome explorer BARLEX was constructed to be the central repository and hub of genomic sequences of barley sequencing efforts. Powerful visualizations of interconnected BACs and other sequencing information enable to backtrack every position that makes up the barley reference sequence and help in understanding the connection to other datasets. Further tools utilizing other barley data are discussed and described for more specialized use cases. Last but not least a list of URLs is given for a comprehensive overview of barley-centric resources.</p>	
19. keywords Barley genome analysis, tools, database	
20. publisher Springer International Publishing	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1111/tbj.14179	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Computational aspects underlying genome to phenome analysis in plants	
4. author(s) (family name, first name(s)) Bolger, Anthony M.; Poorter, Hendrik; Dumschott, Kathryn; Bolger, Marie E.; Arend, Daniel; Osorio, Sonia; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Lange, Matthias; Scholz, Uwe; Usadel, Björn	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 12.01.2019
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 17
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 178
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Recent advances in genomics technologies have greatly accelerated the progress in both fundamental plant science and applied breeding research. Concurrently, high-throughput plant phenotyping is becoming widely adopted in the plant community, promising to alleviate the phenotypic bottleneck. While these technological breakthroughs are significantly accelerating quantitative trait locus (QTL) and causal gene identification, challenges to enable even more sophisticated analyses remain. In particular, care needs to be taken to standardize, describe and conduct experiments robustly while relying on plant physiology expertise. In this article, we review the state of the art regarding genome assembly and the future potential of pangenomics in plant research. We also describe the necessity of standardizing and describing phenotypic studies using the Minimum Information About a Plant Phenotyping Experiment (MIAPPE) standard to enable the reuse and integration of phenotypic data. In addition, we show how deep phenotypic data might yield novel trait–trait correlations and review how to link phenotypic data to genomic data. Finally, we provide perspectives on the golden future of machine learning and their potential in linking phenotypes to genomic features.</p>	
19. keywords plant genomes, plant bioinformatics, plant genome annotation, phenotyping	
20. publisher Wiley	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41588-019-0381-3	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Durum wheat genome highlights past domestication signatures and future improvement targets	
4. author(s) (family name, first name(s)) Maccaferri, Marco; Harris, Neil S.; Twardziok, Sven O.; Pasam, Raj K.; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Ormanbekova, Danara; Lux, Thomas; Prade, Verena M.; Milner, Sara G.; Himmelbach, Axel; Mascher, Martin; Bagnaresi, Paolo; Faccioli, Primetta; Cozzi, Paolo; Lauria, Massimiliano; Lazzari, Barbara; Stella, Alessandra; Manconi, Andrea; Gnocchi, Matteo; Moscatelli, Marco; Avni, Raz; Deek, Jasline; Biyiklioglu, Sezgi; Frascaroli, Elisabetta; Corneti, Simona; Salvi, Silvio; Sonnante, Gabriella; Desiderio, Francesca; Marè, Caterina; Crosatti, Cristina; Mica, Erica; Özkan, Hakan; Kilian, Benjamin; De Vita, Pasquale; Marone, Daniela; Joukhadar, Reem; Mazzucotelli, Elisabetta; Nigro, Domenica; Gadaleta, Agata; Chao, Shiaoman; Faris, Justin D.; Melo, Arthur T. O.; Pumphrey, Mike; Pecchioni, Nicola; Milanesi, Luciano; Wiebe, Krystalee; Ens, Jennifer; MacLachlan, Ron P.; Clarke, John M.; Sharpe, Andrew G.; Koh, Chu Shin; Liang, Kevin Y. H.; Taylor, Gregory J.; Knox, Ron; Budak, Hikmet; Mastrangelo, Anna M.; Xu, Steven S.; Stein, Nils; Hale, Iago; Distelfeld, Assaf; Hayden, Matthew J.; Tuberosa, Roberto; Walkowiak, Sean; Mayer, Klaus F. X.; Ceriotti, Aldo; Pozniak, Curtis J.; Cattivelli, Luigi	5. end of project 31.12.2021
6. publication date 08.04.2019	
7. form of publication Scientific journal	
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
10. reference no. 031A536B	
11. no. of pages 16	
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 48
14. no. of tables 0	
15. no. of figures 8	
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract The domestication of wild emmer wheat led to the selection of modern durum wheat, grown mainly for pasta production. We describe the 10.45 gigabase (Gb) assembly of the genome of durum wheat cultivar Svevo. The assembly enabled genome-wide genetic diversity analyses revealing the changes imposed by thousands of years of empirical selection and breeding. Regions exhibiting strong signatures of genetic divergence associated with domestication and breeding were widespread in the genome with several major diversity losses in the pericentromeric regions. A locus on chromosome 5B carries a gene encoding a metal transporter (TdHMA3-B1) with a non-functional variant causing high accumulation of cadmium in grain. The high-cadmium allele, widespread among durum cultivars but undetected in wild emmer accessions, increased in frequency from domesticated emmer to modern durum wheat. The rapid cloning of TdHMA3-B1 rescues a wild beneficial allele and demonstrates the practical use of the Svevo genome for wheat improvement.	
19. keywords Genetics, Plant sciences	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1016/j.cub.2019.07.086	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Genome Sequence of <i>Striga asiatica</i> Provides Insight into the Evolution of Plant Parasitism	
4. author(s) (family name, first name(s)) Yoshida, Satoko; Kim, Seungill; Wafula, Eric K.; Tanskanen, Jaakko; Kim, Yong-Min; Honaas, Loren; Yang, Zhenzhen; Spallek, Thomas; Conn, Caitlin E.; Ichihashi, Yasunori; Cheong, Kyeongchae; Cui, Songkui; Der, Joshua P.; Gundlach, Heidrun; Jiao, Yuannian; Hori, Chiaki; Ishida, Juliane K.; Kasahara, Hiroyuki; Kiba, Takatoshi; Kim, Myung-Shin; Koo, Namjin; Laohavisit, Anuphon; Lee, Yong-Hwan; Lumba, Shelley; McCourt, Peter; Mortimer, Jenny C.; Mutuku, J. Musembi; Nomura, Takahito; Sasaki-Sekimoto, Yuko; Seto, Yoshiya; Wang, Yu; Wakatake, Takanori; Sakakibara, Hitoshi; Demura, Taku; Yamaguchi, Shinjiro; Yoneyama, Koichi; Manabe, Ri-ichiroh; Nelson, David C.; Schulman, Alan H.; Timko, Michael P.; dePamphilis, Claude W.; Choi, Doil; Shirasu, Ken	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 15.09.2019
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 18
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 69
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 7
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Parasitic plants in the genus <i>Striga</i> , commonly known as witchweeds, cause major crop losses in sub-Saharan Africa and pose a threat to agriculture worldwide. An understanding of <i>Striga</i> parasite biology, which could lead to agricultural solutions, has been hampered by the lack of genome information. Here, we report the draft genome sequence of <i>Striga asiatica</i> with 34,577 predicted protein-coding genes, which reflects gene family contractions and expansions that are consistent with a three-phase model of parasitic plant genome evolution. <i>Striga</i> seeds germinate in response to host-derived strigolactones (SLs) and then develop a specialized penetration structure, the haustorium, to invade the host root. A family of SL receptors has undergone a striking expansion, suggesting a molecular basis for the evolution of broad host range among <i>Striga</i> spp. We found that genes involved in lateral root development in non-parasitic model species are coordinately induced during haustorium development in <i>Striga</i> , suggesting a pathway that was partly co-opted during the evolution of the haustorium. In addition, we found evidence for horizontal transfer of host genes as well as retrotransposons, indicating gene flow to <i>S. asiatica</i> from hosts. Our results provide valuable insights into the evolution of parasitism and a key resource for the future development of <i>Striga</i> control strategies.	
19. keywords genome, parasitic plant, <i>Striga</i> , Orobanchaceae, strigolactone, horizontal gene transfer, transcriptome	
20. publisher Elsevier BV	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1186/s13059-019-1899-5	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title TRITEX: chromosome-scale sequence assembly of Triticeae genomes with open-source tools	
4. author(s) (family name, first name(s)) Monat, C{e}cile; Padmarasu, Sudharsan; Lux, Thomas; Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Himmelbach, Axel; Ens, Jennifer; Li, Chengdao; Muehlbauer, Gary J.; Schulman, Alan H.; Waugh, Robbie; Braumann, Ilka; Pozniak, Curtis; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel; Stein, Nils; Mascher, Martin	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 18.12.2019
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 18
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 102
	14. no. of tables 5
	15. no. of figures 6
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Chromosome-scale genome sequence assemblies underpin pan-genomic studies. Recent genome assembly efforts in the large-genome Triticeae crops wheat and barley have relied on the commercial closed-source assembly algorithm DeNovoMagic. We present TRITEX, an open-source computational workflow that combines paired-end, mate-pair, 10X Genomics linked-read with chromosome conformation capture sequencing data to construct sequence scaffolds with megabase-scale contiguity ordered into chromosomal pseudomolecules. We evaluate the performance of TRITEX on publicly available sequence data of tetraploid wild emmer and hexaploid bread wheat, and construct an improved annotated reference genome sequence assembly of the barley cultivar Morex as a community resource.	
19. keywords genome assembly, open-source tools, barley	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/dnares/dsaa015	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Insights into the evolution of symbiosis gene copy number and distribution from a chromosome-scale <i>Lotus japonicus</i> Gifu genome sequence	
4. author(s) (family name, first name(s)) Kamal, Nadia; Mun, Terry; Reid, Dugald; Lin, Jie-Shun; Akyol, Turgut Yigit; Sandal, Niels; Asp, Torben; Hirakawa, Hideki; Stougaard, Jens; Mayer, Klaus F. X.; Sato, Shusei; Andersen, Stig Uggerhøj	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 01.06.2020
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 11
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 54
	14. no. of tables 3
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Lotus japonicus is a herbaceous perennial legume that has been used extensively as a genetically tractable model system for deciphering the molecular genetics of symbiotic nitrogen fixation. Our aim is to improve the L. japonicus reference genome sequence, which has so far been based on Sanger and Illumina sequencing reads from the L. japonicus accession MG-20 and contained a large fraction of unanchored contigs. Here, we use long PacBio reads from L. japonicus Gifu combined with Hi-C data and new high-density genetic maps to generate a high-quality chromosome-scale reference genome assembly for L. japonicus. The assembly comprises 554 megabases of which 549 were assigned to six pseudomolecules that appear complete with telomeric repeats at their extremes and large centromeric regions with low gene density. The new L. japonicus Gifu reference genome and associated expression data represent valuable resources for legume functional and comparative genomics. Here, we provide a first example by showing that the symbiotic islands recently described in Medicago truncatula do not appear to be conserved in L. japonicus.	
19. keywords legume, symbiosis, rhizobium, comparative genomics, expression atlas	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41588-020-0671-9	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title European maize genomes highlight intraspecies variation in repeat and gene content	
4. author(s) (family name, first name(s)) Haberer, Georg; Kamal, Nadia; Bauer, Eva; Gundlach, Heidrun; Fischer, Iris; Seidel, Michael A.; Spannagl, Manuel; Marcon, Caroline; Ruban, Alevtina; Urbany, Claude; Nemri, Adnane; Hochholdinger, Frank; Ouzunova, Milena; Houben, Andreas; Schön, Chris-Carolin; Mayer, Klaus F. X.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 27.07.2020
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 11
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 82
	14. no. of tables 1
	15. no. of figures 5
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract The diversity of maize (<i>Zea mays</i>) is the backbone of modern heterotic patterns and hybrid breeding. Historically, US farmers exploited this variability to establish today's highly productive Corn Belt inbred lines from blends of dent and flint germplasm pools. Here, we report de novo genome sequences of four European flint lines assembled to pseudomolecules with scaffold N50 ranging from 6.1 to 10.4 Mb. Comparative analyses with two US Corn Belt lines explains the pronounced differences between both germplasms. While overall syntenic order and consolidated gene annotations reveal only moderate pangenomic differences, whole-genome alignments delineating the core and dispensable genome, and the analysis of heterochromatic knobs and orthologous long terminal repeat retrotransposons unveil the dynamics of the maize genome. The high-quality genome sequences of the flint pool complement the maize pangenome and provide an important tool to study maize improvement at a genome scale and to enhance modern hybrid breeding.	
19. keywords Genomics, Plant breeding, Plant genetics	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1007/s00122-020-03712-y	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The <i>Aegilops ventricosa</i> 2NvS segment in bread wheat: cytology, genomics and breeding	
4. author(s) (family name, first name(s)) Gao, Liangliang; Koo, Dal-Hoe; Juliana, Philomin; Rife, Trevor; Singh, Daljit; Lemes da Silva, Cristiano; Lux, Thomas; Dorn, Kevin M.; Clinesmith, Marshall; Silva, Paula; Wang, Xu; Spannagl, Manuel; Monat, Cecile; Friebe, Bernd; Steuernagel, Burkhard; Muehlbauer, Gary J.; Walkowiak, Sean; Pozniak, Curtis; Singh, Ravi; Stein, Nils; Mascher, Martin; Fritz, Allan; Poland, Jesse	5. end of project 31.12.2021
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. publication date 12.11.2020
	7. form of publication Scientific journal
	9. originator's report no. -
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 14
	13. no. of references 63
16. supplementary notes yes	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 4
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Key message: The first cytological characterization of the 2NvS segment in hexaploid wheat; complete de novo assembly and annotation of 2NvS segment; 2NvS frequency is increasing 2NvS and is associated with higher yield. The <i>Aegilops ventricosa</i> 2NvS translocation segment has been utilized in breeding disease-resistant wheat crops since the early 1990s. This segment is known to possess several important resistance genes against multiple wheat diseases including root knot nematode, stripe rust, leaf rust and stem rust. More recently, this segment has been associated with resistance to wheat blast, an emerging and devastating wheat disease in South America and Asia. To date, full characterization of the segment including its size, gene content and its association with grain yield is lacking. Here, we present a complete cytological and physical characterization of this agronomically important translocation in bread wheat. We de novo assembled the 2NvS segment in two wheat varieties, 'Jagger' and 'CDC Stanley,' and delineated the segment to be approximately 33 Mb. A total of 535 high-confidence genes were annotated within the 2NvS region, with > 10% belonging to the nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR) gene families. Identification of groups of NLR genes that are potentially N genome-specific and expressed in specific tissues can fast-track testing of candidate genes playing roles in various disease resistances. We also show the increasing frequency of 2NvS among spring and winter wheat breeding programs over two and a half decades, and the positive impact of 2NvS on wheat grain yield based on historical datasets. The significance of the 2NvS segment in wheat breeding due to resistance to multiple diseases and a positive impact on yield highlights the importance of understanding and characterizing the wheat pan-genome for better insights into molecular breeding for wheat improvement.</p>	
19. keywords <i>Aegilops ventricosa</i> 2NvS translocation, disease resistance, NLR genes	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41586-020-2947-8	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding	
4. author(s) (family name, first name(s)) Jayakodi, Murukarthick; Padmarasu, Sudharsan; Haberer, Georg; Bonthala, Venkata Suresh; Gundlach, Heidrun; Monat, Cécile; Lux, Thomas; Kamal, Nadia; Lang, Daniel; Himmelbach, Axel; Ens, Jennifer; Zhang, Xiao-Qi; Angessa, Tefera T.; Zhou, Gaofeng; Tan, Cong; Hill, Camilla; Wang, Penghao; Schreiber, Miriam; Boston, Lori B.; Plott, Christopher; Jenkins, Jerry; Guo, Yu; Fiebig, Anne; Budak, Hikmet; Xu, Dongdong; Zhang, Jing; Wang, Chunchao; Grimwood, Jane; Schmutz, Jeremy; Guo, Ganggang; Zhang, Guoping; Mochida, Keiichi; Hirayama, Takashi; Sato, Kazuhiro; Chalmers, Kenneth J.; Langridge, Peter; Waugh, Robbie; Pozniak, Curtis J.; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel; Li, Chengdao; Mascher, Martin; Stein, Nils	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 25.11.2020
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 11
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 69
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 4
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Genetic diversity is key to crop improvement. Owing to pervasive genomic structural variation, a single reference genome assembly cannot capture the full complement of sequence diversity of a crop species (known as the 'pan-genome'¹). Multiple high-quality sequence assemblies are an indispensable component of a pan-genome infrastructure. Barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) is an important cereal crop with a long history of cultivation that is adapted to a wide range of agro-climatic conditions². Here we report the construction of chromosome-scale sequence assemblies for the genotypes of 20 varieties of barley—comprising landraces, cultivars and a wild barley—that were selected as representatives of global barley diversity. We catalogued genomic presence/absence variants and explored the use of structural variants for quantitative genetic analysis through whole-genome shotgun sequencing of 300 gene bank accessions. We discovered abundant large inversion polymorphisms and analysed in detail two inversions that are frequently found in current elite barley germplasm; one is probably the product of mutation breeding and the other is tightly linked to a locus that is involved in the expansion of geographical range. This first-generation barley pan-genome makes previously hidden genetic variation accessible to genetic studies and breeding.</p>	
19. keywords Genomics, Plant genetics, Structural variation	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s42003-020-01413-2	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title A haplotype-led approach to increase the precision of wheat breeding	
4. author(s) (family name, first name(s)) Brinton, Jemima; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Simmonds, James; Wingen, Luzie; Orford, Simon; Griffiths, Simon; Haberer, Georg; Spannagl, Manuel; Walkowiak, Sean; Pozniak, Curtis; Uauy, Cristobal	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 25.11.2020
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 11
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 65
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 4
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Crop productivity must increase at unprecedented rates to meet the needs of the growing worldwide population. Exploiting natural variation for the genetic improvement of crops plays a central role in increasing productivity. Although current genomic technologies can be used for high-throughput identification of genetic variation, methods for efficiently exploiting this genetic potential in a targeted, systematic manner are lacking. Here, we developed a haplotype-based approach to identify genetic diversity for crop improvement using genome assemblies from 15 bread wheat (<i>Triticum aestivum</i>) cultivars. We used stringent criteria to identify identical-by-state haplotypes and distinguish these from near-identical sequences (99.95% identity). We showed that each cultivar shares 59% of its genome with other sequenced cultivars and we detected the presence of extended haplotype blocks containing hundreds to thousands of genes across all wheat chromosomes. We found that genic sequence alone was insufficient to fully differentiate between haplotypes, as were commonly used array-based genotyping chips due to their gene centric design. We successfully used this approach for focused discovery of novel haplotypes from a landrace collection and documented their potential for trait improvement in modern bread wheat. This study provides a framework for defining and exploiting haplotypes to increase the efficiency and precision of wheat breeding towards optimising the agronomic performance of this crucial crop.</p>	
19. keywords Plant breeding, Plant genetics	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41586-020-2961-x	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding	
4. author(s) (family name, first name(s)) Walkowiak, Sean; Gao, Liangliang; Monat, Cecile; Haberer, Georg; Kassa, Muluaalem T.; Brinton, Jemima; Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Kolodziej, Markus C.; Delorean, Emily; Thambugala, Dinushika; Klymiuk, Valentyna; Byrns, Brook; Gundlach, Heidrun; Bandi, Venkat; Siri, Jorge Nunez; Nilsen, Kirby; Aquino, Catharine; Himmelbach, Axel; Copetti, Dario; Ban, Tomohiro; Venturini, Luca; Bevan, Michael; Clavijo, Bernardo; Koo, Dal-Hoe; Ens, Jennifer; Wiebe, Krystalee; N'Diaye, Amidou; Fritz, Allen K.; Gutwin, Carl; Fiebig, Anne; Fosker, Christine; Fu, Bin Xiao; Accinelli, Gonzalo Garcia; Gardner, Keith A.; Fradgley, Nick; Gutierrez-Gonzalez, Juan; Halstead-Nussloch, Gwyneth; Hatakeyama, Masaomi; Koh, Chu Shin; Deek, Jasline; Costamagna, Alejandro C.; Fobert, Pierre; Heavens, Darren; Kanamori, Hiroyuki; Kawaura, Kanako; Kobayashi, Fuminori; Krasileva, Ksenia; Kuo, Tony; McKenzie, Neil; Murata, Kazuki; Nabeka, Yusuke; Paape, Timothy; Padmarasu, Sudharsan; Percival-Alwyn, Lawrence; Kagale, Sateesh; Scholz, Uwe; Sese, Jun; Juliana, Philomin; Singh, Ravi; Shimizu-Inatsugi, Rie; Swarbreck, David; Cockram, James; Budak, Hikmet; Tameshige, Toshiaki; Tanaka, Tsuyoshi; Tsuji, Hiroyuki; Wright, Jonathan; Wu, Jianzhong; Steuernagel, Burkhard; Small, Ian; Cloutier, Sylvie; Keeble-Gagnère, Gabriel; Muehlbauer, Gary; Tibbets, Josquin; Nasuda, Shuhei; Melonek, Joanna; Hucl, Pierre J.; Sharpe, Andrew G.; Clark, Matthew; Legg, Erik; Bharti, Arvind; Langridge, Peter; Hall, Anthony; Uauy, Cristobal; Mascher, Martin; Krattinger, Simon G.; Handa, Hirokazu; Shimizu, Kentaro K.; Distelfeld, Assaf; Chalmers, Ken; Keller, Beat; Mayer, Klaus F. X.; Poland, Jesse; Stein, Nils; McCartney, Curt A.; Spannagl, Manuel; Wicker, Thomas; Pozniak, Curtis J.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 25.11.2020
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 13
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 74
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Advances in genomics have expedited the improvement of several agriculturally important crops but similar efforts in wheat (<i>Triticum</i> spp.) have been more challenging. This is largely owing to the size and complexity of the wheat genome ¹ , and the lack of genome-assembly data for multiple wheat lines ^{2,3} . Here we generated ten chromosome pseudomolecule and five scaffold assemblies of hexaploid wheat to explore the genomic diversity among wheat lines from global breeding programs. Comparative analysis revealed extensive structural rearrangements, introgressions from wild relatives and differences in gene content resulting from complex breeding histories aimed at improving adaptation to diverse environments, grain yield and quality, and resistance to stresses ^{4,5} . We provide examples outlining the utility of these genomes, including a detailed multi-genome-derived nucleotide-binding leucine-rich repeat protein repertoire involved in disease resistance and the characterization of Sm16, a gene associated with insect resistance. These genome assemblies will provide a basis for functional gene discovery and breeding to deliver the next generation of modern wheat cultivars.	
19. keywords Comparative genomics, Haplotypes, Plant breeding, Structural variation	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/pcp/pcaa152	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title De Novo Genome Assembly of the Japanese Wheat Cultivar Norin 61 Highlights Functional Variation in Flowering Time and Fusarium-Resistant Genes in East Asian Genotypes	
4. author(s) (family name, first name(s)) Shimizu, Kentaro K.; Copetti, Dario; Okada, Moeko; Wicker, Thomas; Tameshige, Toshiaki; Hatakeyama, Masaomi; Shimizu-Inatsugi, Rie; Aquino, Catharine; Nishimura, Kazusa; Kobayashi, Fuminori; Murata, Kazuki; Kuo, Tony; Delorean, Emily; Poland, Jesse; Haberer, Georg; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Gutierrez-Gonzalez, Juan; Muehlbauer, Gary J.; Monat, Cecile; Himmelbach, Axel; Padmarasu, Sudharsan; Mascher, Martin; Walkowiak, Sean; Nakazaki, Tetsuya; Ban, Tomohiro; Kawaura, Kanako; Tsuji, Hiroyuki; Pozniak, Curtis; Stein, Nils; Sese, Jun; Nasuda, Shuhei; Handa, Hirokazu	5. end of project 31.12.2021
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. publication date 27.11.2020
	7. form of publication Scientific journal
	9. originator's report no. -
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 20
	13. no. of references 152
16. supplementary notes yes	14. no. of tables 5
	15. no. of figures 7
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Bread wheat is a major crop that has long been the focus of basic and breeding research. Assembly of its genome has been difficult because of its large size and allohexaploid nature (AABBDD genome). Following the first reported assembly of the genome of the experimental strain Chinese Spring (CS), the 10+ Wheat Genomes Project was launched to produce multiple assemblies of worldwide modern cultivars. The only Asian cultivar in the project is Norin 61, a representative Japanese cultivar adapted to grow across a broad latitudinal range, mostly characterized by a wet climate and a short growing season. Here, we characterize the key aspects of its chromosome-scale genome assembly spanning 15 Gb with a raw scaffold N50 of 22 Mb. Analysis of the repetitive elements identified chromosomal regions unique to Norin 61 that encompass a tandem array of the pathogenesis-related 13 family. We report novel copy-number variations in the B homeolog of the florigen gene FT1/VRN3, pseudogenization of its D homeolog and the association of its A homeologous alleles with the spring/winter growth habit. Furthermore, the Norin 61 genome carries typical East Asian functional variants different from CS, ranging from a single nucleotide to multi-Mb scale. Examples of such variation are the Fhb1 locus, which confers Fusarium head-blight resistance, Ppd-D1a, which confers early flowering, Glu-D1f for Asian noodle quality and Rht-D1b, which introduced semi-dwarfism during the green revolution. The adoption of Norin 61 as a reference assembly for functional and evolutionary studies will enable comprehensive characterization of the underexploited Asian bread wheat diversity.	
19. keywords bread wheat, Norin61 cultivar, florigen gene, Fusarium resistance	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/plcell/koab077	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Long-read sequence assembly: a technical evaluation in barley	
4. author(s) (family name, first name(s)) Mascher, Martin; Wicker, Thomas; Jenkins, Jerry; Plott, Christopher; Lux, Thomas; Koh, Chu Shin; Ens, Jennifer; Gundlach, Heidrun; Boston, Lori B.; Tulpová, Zuzana; Holden, Samuel; Hernández-Pinzón, Inmaculada; Scholz, Uwe; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel; Pozniak, Curtis J.; Sharpe, Andrew G.; Šimková, Hana; Moscou, Matthew J.; Grimwood, Jane; Schmutz, Jeremy; Stein, Nils	5. end of project 31.12.2021
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. publication date 12.03.2021
	7. form of publication Scientific journal
	9. originator's report no. -
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 19
	13. no. of references 84
16. supplementary notes yes	14. no. of tables 7
	15. no. of figures 7
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Sequence assembly of large and repeat-rich plant genomes has been challenging, requiring substantial computational resources and often several complementary sequence assembly and genome mapping approaches. The recent development of fast and accurate long-read sequencing by circular consensus sequencing (CCS) on the PacBio platform may greatly increase the scope of plant pan-genome projects. Here, we compare current long-read sequencing platforms regarding their ability to rapidly generate contiguous sequence assemblies in pan-genome studies of barley (<i>Hordeum vulgare</i>). Most long-read assemblies are clearly superior to the current barley reference sequence based on short-reads. Assemblies derived from accurate long reads excel in most metrics, but the CCS approach was the most cost-effective strategy for assembling tens of barley genomes. A downsampling analysis indicated that 20-fold CCS coverage can yield very good sequence assemblies, while even five-fold CCS data may capture the complete sequence of most genes. We present an updated reference genome assembly for barley with near-complete representation of the repeat-rich intergenic space. Long-read assembly can underpin the construction of accurate and complete sequences of multiple genomes of a species to build pan-genome infrastructures in Triticeae crops and their wild relatives.</p>	
19. keywords barley, assembly validation, circular consensus sequencing	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41588-021-00807-0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Chromosome-scale genome assembly provides insights into rye biology, evolution and agronomic potential	
4. author(s) (family name, first name(s)) Rabanus-Wallace, M. Timothy; Hackauf, Bernd; Mascher, Martin; Lux, Thomas; Wicker, Thomas; Gundlach, Heidrun; Baez, Mariana; Houben, Andreas; Mayer, Klaus F. X.; Guo, Liangliang; Poland, Jesse; Pozniak, Curtis J.; Walkowiak, Sean; Melonek, Joanna; Praz, Coraline R.; Schreiber, Mona; Budak, Hikmet; Heuberger, Matthias; Steuernagel, Burkhard; Wulff, Brande; Börner, Andreas; Byrns, Brook; Čížková, Jana; Fowler, D. Brian; Fritz, Allan; Himmelbach, Axel; Kaithakottil, Gemy; Keilwagen, Jens; Keller, Beat; Konkin, David; Larsen, Jamie; Li, Qiang; Myśków, Beata; Padmarasu, Sudharsan; Rawat, Nidhi; Sesiz, Uğur; Biyiklioglu-Kaya, Sezgi; Sharpe, Andy; Šimková, Hana; Small, Ian; Swarbreck, David; Toegelová, Helena; Tsvetkova, Natalia; Voylokov, Anatoly V.; Vrána, Jan; Bauer, Eva; Bolibok-Bragoszewska, Hanna; Doležel, Jaroslav; Hall, Anthony; Jia, Jizeng; Korzun, Viktor; Laroche, André; Ma, Xue-Feng; Ordon, Frank; Özkan, Hakan; Rakoczy-Trojanowska, Monika; Scholz, Uwe; Schulman, Alan H.; Siekmann, Dörthe; Stojalowski, Stefan; Tiwari, Vijay K.; Spannagl, Manuel; Stein, Nils	5. end of project 31.12.2021
6. publication date 18.03.2021	
7. form of publication Scientific journal	
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
10. reference no. 031A536B	
11. no. of pages 17	
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 80
14. no. of tables 1	
15. no. of figures 5	
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Rye (<i>Secale cereale</i> L.) is an exceptionally climate-resilient cereal crop, used extensively to produce improved wheat varieties via introgressive hybridization and possessing the entire repertoire of genes necessary to enable hybrid breeding. Rye is allogamous and only recently domesticated, thus giving cultivated ryes access to a diverse and exploitable wild gene pool. To further enhance the agronomic potential of rye, we produced a chromosome-scale annotated assembly of the 7.9-gigabase rye genome and extensively validated its quality by using a suite of molecular genetic resources. We demonstrate applications of this resource with a broad range of investigations. We present findings on cultivated rye's incomplete genetic isolation from wild relatives, mechanisms of genome structural evolution, pathogen resistance, low-temperature tolerance, fertility control systems for hybrid breeding and the yield benefits of rye-wheat introgressions.	
19. keywords Genomics, Plant breeding, Plant genetics	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

1. ISBN or ISSN 10.1093/dnares/dsab008	2. type of document (e.g. report, publication) publication	
3. title Chromosome-scale genome assembly of the transformation-amenable common wheat cultivar 'Fielder'		
4. author(s) (family name, first name(s)) Sato, Kazuhiro; Abe, Fumitaka; Mascher, Martin; Haberer, Georg; Gundlach, Heidrun; Spannagl, Manuel; Shirasawa, Kenta; Isobe, Sachiko	5. end of project 31.12.2021	6. publication date 01.06.2021
	7. form of publication Scientific journal	
	8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	9. originator's report no. -	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 7	
	13. no. of references 28	14. no. of tables 2
		15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes		
17. presented at (title, place, date) -		
18. abstract We have established a high-quality, chromosome-level genome assembly for the hexaploid common wheat cultivar 'Fielder', an American, soft, white, pastry-type wheat released in 1974 and known for its amenability to <i>Agrobacterium tumefaciens</i> -mediated transformation and genome editing. Accurate, long-read sequences were obtained using PacBio circular consensus sequencing with the HiFi approach. Sequence reads from 16 SMRT cells assembled using the hifiasm assembler produced assemblies with N50 greater than 20 Mb. We used the Omni-C chromosome conformation capture technique to order contigs into chromosome-level assemblies, resulting in 21 pseudomolecules with a cumulative size of 14.7 and 0.3 Gb of unanchored contigs. Mapping of published short reads from a transgenic wheat plant with an edited seed-dormancy gene, <i>TaQsd1</i> , identified four positions of transgene insertion into wheat chromosomes. Detection of guide RNA sequences in pseudomolecules provided candidates for off-target mutation induction. These results demonstrate the efficiency of chromosome-scale assembly using PacBio HiFi reads and their application in wheat genome-editing studies.		
19. keywords Triticum aestivum, circular consensus sequencing, genome assembly, pseudomolecules, genome editing		
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown	

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/g3journal/jkab244	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Chromosome-scale assembly of wild barley accession "OUH602"	
4. author(s) (family name, first name(s)) Sato, Kazuhiro; Mascher, Martin; Himmelbach, Axel; Haberer, Georg; Spannagl, Manuel; Stein, Nils	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 13.07.2021
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 6
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 31
	14. no. of tables 2
	15. no. of figures 2
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Barley (<i>Hordeum vulgare</i>) was domesticated from its wild ancestral form ca. 10,000 years ago in the Fertile Crescent and is widely cultivated throughout the world, except for in tropical areas. The genome size of both cultivated barley and its conspecific wild ancestor is approximately 5 Gb. High-quality chromosome-level assemblies of 19 cultivated and one wild barley genotype were recently established by pan-genome analysis. Here, we release another equivalent short-read assembly of the wild barley accession "OUH602." A series of genetic and genomic resources were developed for this genotype in prior studies. Our assembly contains more than 4.4 Gb of sequence, with a scaffold N50 value of over 10 Mb. The haplotype shows high collinearity with the most recently updated barley reference genome, "Morex" V3, with some inversions. Gene projections based on "Morex" gene models revealed 46,807 protein-coding sequences and 43,375 protein-coding genes. Alignments to publicly available sequences of bacterial artificial chromosome (BAC) clones of "OUH602" confirm the high accuracy of the assembly. Since more loci of interest have been identified in "OUH602," the release of this assembly, with detailed genomic information, should accelerate gene identification and the utilization of this key wild barley accession.</p>	
19. keywords genome assembly; <i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>spontaneum</i> ; OUH602; pseudomolecules; wild barley	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/g3journal/jkab325	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Aegilops tauschii genome assembly Aet v5.0 features greater sequence contiguity and improved annotation	
4. author(s) (family name, first name(s)) Wang, Le; Zhu, Tingting; Rodriguez, Juan C.; Deal, Karin R.; Dubcovsky, Jorge; McGuire, Patrick E.; Lux, Thomas; Spannagl, Manuel; Mayer, Klaus F. X.; Baldrich, Patricia; Meyers, Blake C.; Huo, Naxin; Gu, Yong Q.; Zhou, Hongye; Devos, Katrien M.; Bennetzen, Jeffrey L.; Unver, Turgay; Budak, Hikmet; Gulick, Patrick J.; Galiba, Gabor; Kalapos, Balázs; Nelson, David R.; Li, Pingchuan; You, Frank M.; Luo, Ming-Cheng; Dvorak, Jan	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 13.09.2021
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 13
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 74
	14. no. of tables 6
	15. no. of figures 6
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Aegilops tauschii is the donor of the D subgenome of hexaploid wheat and an important genetic resource. The reference-quality genome sequence Aet v4.0 for Ae. tauschii acc. AL8/78 was therefore an important milestone for wheat biology and breeding. Further advances in sequencing acc. AL8/78 and release of the Aet v5.0 sequence assembly are reported here. Two new optical maps were constructed and used in the revision of pseudomolecules. Gaps were closed with Pacific Biosciences long-read contigs, decreasing the gap number by 38,899. Transposable elements and protein-coding genes were reannotated. The number of annotated high-confidence genes was reduced from 39,635 in Aet v4.0 to 32,885 in Aet v5.0. A total of 2245 biologically important genes, including those affecting plant phenology, grain quality, and tolerance of abiotic stresses in wheat, was manually annotated and disease-resistance genes were annotated by a dedicated pipeline. Disease-resistance genes encoding nucleotide-binding site domains, receptor-like protein kinases, and receptor-like proteins were preferentially located in distal chromosome regions, whereas those encoding transmembrane coiled-coil proteins were dispersed more evenly along the chromosomes. Discovery, annotation, and expression analyses of microRNA (miRNA) precursors, mature miRNAs, and phasiRNAs are reported, including miRNA target genes. Other small RNAs, such as hc-siRNAs and tRFs, were characterized. These advances enhance the utility of the Ae. tauschii genome sequence for wheat genetics, biotechnology, and breeding.</p>	
19. keywords disease resistance; miRNA; phasiRNA; hc-siRNA; tRNA; tRF; transposable elements; optical map; Pacific Biosciences	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9783030833831.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The Gene and Repetitive Element Landscape of the Rye Genome	
4. author(s) (family name, first name(s)) Vershinin, Alexander V.; Lux, Thomas; Gundlach, Heidrun; Elisafenko, Evgeny A.; Keilwagen, Jens; Mayer, Klaus F. X.; Spannagl, Manuel	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 26.10.2021
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 17
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 48
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 6
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>In the genomics era, the rye genome has been given as little attention by researchers as no other entity in the most renowned triad of cereal crops in the tribe Triticeae: wheat, barley, and rye. Some of the reasons behind this neglect are due to the large size of rye's genome and its abundance of various classes of repetitive DNA sequences. Despite substantial progress in sequencing and assembling methods, most of its genomic regions, which are made of alternating families of tandem repeats and transposable elements, lie ahead of the undertakers like uncharted dungeons. This chapter outlines the history of research into the molecular organization of the rye genome, from insights into the structure of the repetitive DNA sequences to the recently published annotated chromosome-scale genome assembly. In contrast to previous attempts (Martis et al, Plant Cell 25:3685–3698, 2013; Bauer et al, Plant J 89:853–869, 2017), which were focused on some parts of the rye genome, ours is trying to give a holistic understanding of the genome of this economically important cereal crop. To this end, we will consider the most complete set of classes of DNA sequences and see how their molecular structure and abundance are linked to their chromosomal locations.</p>	
19. keywords Rye, repeat space	
20. publisher Springer International Publishing	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41587-021-01058-4	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Population genomic analysis of <i>Aegilops tauschii</i> identifies targets for bread wheat improvement	
4. author(s) (family name, first name(s)) Gaurav, Kumar; Arora, Sanu; Silva, Paula; Sánchez-Martín, Javier; Horsnell, Richard; Gao, Liangliang; Brar, Gurcharn S.; Widrig, Victoria; John Raupp, W.; Singh, Narinder; Wu, Shuangye; Kale, Sandip M.; Chinoy, Catherine; Nicholson, Paul; Quiroz-Chávez, Jesús; Simmonds, James; Hayta, Sadiye; Smedley, Mark A.; Harwood, Wendy; Pearce, Suzannah; Gilbert, David; Kangara, Ngonidzashe; Gardener, Catherine; Forner-Martínez, Macarena; Liu, Jiaqian; Yu, Guotai; Boden, Scott A.; Pascucci, Attilio; Ghosh, Sreya; Hafeez, Amber N.; O'Hara, Tom; Waites, Joshua; Cheema, Jitender; Steuernagel, Burkhard; Patpour, Mehran; Justesen, Annemarie Fejer; Liu, Shuyu; Rudd, Jackie C.; Avni, Raz; Sharon, Amir; Steiner, Barbara; Kirana, Rizky Psthika; Buerstmayr, Hermann; Mehrabi, Ali A.; Nasyrova, Fizuza Y.; Chayut, Noam; Matny, Oadi; Steffenson, Brian J.; Sandhu, Nitika; Chhuneja, Parveen; Lagudah, Evans; Elkot, Ahmed F.; Tyrrell, Simon; Bian, Xingdong; Davey, Robert P.; Simonsen, Martin; Schauser, Leif; Tiwari, Vijay K.; Randy Kutcher, H.; Hucl, Pierre; Li, Aili; Liu, Deng-Cai; Mao, Long; Xu, Steven; Brown-Guedira, Gina; Faris, Justin; Dvorak, Jan; Luo, Ming-Cheng; Krasileva, Ksenia; Lux, Thomas; Artmeier, Susanne; Mayer, Klaus F. X.; Uauy, Cristobal; Mascher, Martin; Bentley, Alison R.; Keller, Beat; Poland, Jesse; Wulff, Brande B. H.	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 01.11.2021
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 14
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 76
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 6
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Aegilops tauschii, the diploid wild progenitor of the D subgenome of bread wheat, is a reservoir of genetic diversity for improving bread wheat performance and environmental resilience. Here we sequenced 242 Ae. tauschii accessions and compared them to the wheat D subgenome to characterize genomic diversity. We found that a rare lineage of Ae. tauschii geographically restricted to present-day Georgia contributed to the wheat D subgenome in the independent hybridizations that gave rise to modern bread wheat. Through k-mer-based association mapping, we identified discrete genomic regions with candidate genes for disease and pest resistance and demonstrated their functional transfer into wheat by transgenesis and wide crossing, including the generation of a library of hexaploids incorporating diverse Ae. tauschii genomes. Exploiting the genomic diversity of the Ae. tauschii ancestral diploid genome permits rapid trait discovery and functional genetic validation in a hexaploid background amenable to breeding.</p>	
19. keywords Genome informatics, Genome-wide association studies, Plant breeding, Plant domestication, Plant immunity	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1002/ggn2.202100022	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Transposable Element Populations Shed Light on the Evolutionary History of Wheat and the Complex Co-Evolution of Autonomous and Non-Autonomous Retrotransposons	
4. author(s) (family name, first name(s)) Wicker, Thomas; Stritt, Christoph; Sotiropoulos, Alexandros G.; Poretti, Manuel; Pozniak, Curtis; Walkowiak, Sean; Gundlach, Heidrun; Stein, Nils	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 09.12.2021
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 17
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 42
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 7
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Wheat has one of the largest and most repetitive genomes among major crop plants, containing over 85% transposable elements (TEs). TEs populate genomes much in the way that individuals populate ecosystems, diversifying into different lineages, sub-families and sub-populations. The recent availability of high-quality, chromosome-scale genome sequences from ten wheat lines enables a detailed analysis how TEs evolved in allohexaploid wheat, its diploids progenitors, and in various chromosomal haplotype segments. LTR retrotransposon families evolved into distinct sub-populations and sub-families that were active in waves lasting several hundred thousand years. Furthermore, It is shown that different retrotransposon sub-families were active in the three wheat sub-genomes, making them useful markers to study and date polyploidization events and chromosomal rearrangements. Additionally, haplotype-specific TE sub-families are used to characterize chromosomal introgressions in different wheat lines. Additionally, populations of non-autonomous TEs co-evolved over millions of years with their autonomous partners, leading to complex systems with multiple types of autonomous, semi-autonomous and non-autonomous elements. Phylogenetic and TE population analyses revealed the relationships between non-autonomous elements and their mobilizing autonomous partners. TE population analysis provided insights into genome evolution of allohexaploid wheat and genetic diversity of species, and may have implication for future crop breeding.	
19. keywords chromosomal introgression, LTR-retrotransposon, non-autonomous element, TE population	
20. publisher Wiley	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/dnares/dsac001	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics	
4. author(s) (family name, first name(s)) Sakkour, Areej; Mascher, Martin; Himmelbach, Axel; Haberer, Georg; Lux, Thomas; Spannagl, Manuel; Stein, Nils; Kawamoto, Shoko; Sato, Kazuhiro	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 12.01.2022
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 8
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 46
	14. no. of tables 4
	15. no. of figures 3
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Cultivated barley (<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>vulgare</i>) is used for food, animal feed, and alcoholic beverages and is widely grown in temperate regions. Both barley and its wild progenitor (<i>H. vulgare</i> ssp. <i>spontaneum</i>) have large 5.1-Gb genomes. High-quality chromosome-scale assemblies for several representative barley genotypes, both wild and domesticated, have been constructed recently to populate the nascent barley pan-genome infrastructure. Here, we release a chromosome-scale assembly of the Japanese elite malting barley cultivar 'Haruna Nijo' using a similar methodology as in the barley pan-genome project. The 4.28-Gb assembly had a scaffold N50 size of 18.9 Mb. The assembly showed high collinearity with the barley reference genome 'Morex' cultivar, with some inversions. The pseudomolecule assembly was characterized using transcript evidence of gene projection derived from the reference genome and de novo gene annotation achieved using published full-length cDNA sequences and RNA-Seq data for 'Haruna Nijo'. We found good concordance between our whole-genome assembly and the publicly available BAC clone sequence of 'Haruna Nijo'. Interesting phenotypes have since been identified in Haruna Nijo; its genome sequence assembly will facilitate the identification of the underlying genes.</p>	
19. keywords Hordeum vulgare, full-length cDNA, RNA-Seq, genome sequencing, pseudomolecules	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 9781071620670.0	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The Barley and Wheat Pan-Genomes	
4. author(s) (family name, first name(s)) Kamal, Nadia; Lux, Thomas; Jayakodi, Murukarthick; Haberer, Georg; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Mascher, Martin; Spannagl, Manuel	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 16.01.2022
	7. form of publication Book chapter
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 13
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 30
	14. no. of tables 2
	15. no. of figures 1
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract To unlock the genetic potential in crops, multi-genome comparisons are an essential tool. Decreasing costs and improved sequencing technologies have democratized plant genome sequencing and led to a vast increase in the amount of available reference sequences on the one hand and enabled the assembly of even the largest and most complex and repetitive crops genomes such as wheat and barley. These developments have led to the era of pan-genomics in recent years. Pan-genome projects enable the definition of the core and dispensable genome for various crop species as well as the analysis of structural and functional variation and hence offer unprecedented opportunities for exploring and utilizing the genetic basis of natural variation in crops. Comparing, analyzing, and visualizing these multiple reference genomes and their diversity requires powerful and specialized computational strategies and tools.	
19. keywords Pan-genome, Cereals, Assembly, Sequencing, Annotation, Genes, Repeats, Polyploidy, PAV, Reference genome, Crops	
20. publisher Springer US	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1111/tbj.15664	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Genome sequences of three <i>Aegilops</i> species of the section <i>Sitopsis</i> reveal phylogenetic relationships and provide resources for wheat improvement	
4. author(s) (family name, first name(s)) Avni, Raz; Lux, Thomas; Minz-Dub, Anna; Millet, Eitan; Sela, Hanan; Distelfeld, Assaf; Deek, Jasline; Yu, Guotai; Steuernagel, Burkhard; Pozniak, Curtis; Ens, Jennifer; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X.; Himmelbach, Axel; Stein, Nils; Mascher, Martin; Spannagl, Manuel; Wulff, Brande B. H.; Sharon, Amir	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 12.02.2022
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 14
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 73
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 6
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Aegilops is a close relative of wheat (<i>Triticum</i> spp.), and <i>Aegilops</i> species in the section <i>Sitopsis</i> represent a rich reservoir of genetic diversity for the improvement of wheat. To understand their diversity and advance their utilization, we produced whole-genome assemblies of <i>Aegilops longissima</i> and <i>Aegilops speltoides</i> . Whole-genome comparative analysis, along with the recently sequenced <i>Aegilops sharonensis</i> genome, showed that the <i>Ae. longissima</i> and <i>Ae. sharonensis</i> genomes are highly similar and are most closely related to the wheat D subgenome. By contrast, the <i>Ae. speltoides</i> genome is more closely related to the B subgenome. Haplotype block analysis supported the idea that <i>Ae. speltoides</i> genome is closest to the wheat B subgenome, and highlighted variable and similar genomic regions between the three <i>Aegilops</i> species and wheat. Genome-wide analysis of nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR) genes revealed species-specific and lineage-specific NLR genes and variants, demonstrating the potential of <i>Aegilops</i> genomes for wheat improvement.	
19. keywords Aegilops, Sitopsis, genome sequence, annotation, nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR), haplotype	
20. publisher Wiley	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1101/2022.05.08.491073	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Chromosome-scale assembly of the lablab genome - A model for inclusive orphan crop genomics	
4. author(s) (family name, first name(s)) Njaci, Isaac; Waweru, Bernice; Kamal, Nadia; Muktar, Meki Shehabu; Fisher, David; Gundlach, Heidrun; Muli, Collins; Muthui, Lucy; Maranga, Mary; Kiambi, Davies; Maass, Brigitte L.; Emmrich, Peter M. F.; Entfellner, Jean-Baka Domelevo; Spannagl, Manuel; Chapman, Mark A.; Shorinola, Oluwaseyi; Jones, Chris S.	5. end of project 31.12.2021
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	6. publication date 10.05.2022
	7. form of publication Preprint
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 29
16. supplementary notes yes	13. no. of references 97
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 4
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Orphan crops (also described as underutilised and neglected crops) hold the key to diversified and climate-resilient food systems. After decades of neglect, the genome sequencing of orphan crops is gathering pace, providing the foundations for their accelerated domestication and improvement. Recent attention has however turned to the gross under-representation of researchers in Africa in the genome sequencing efforts of their indigenous orphan crops. Here we report a radically inclusive approach to orphan crop genomics using the case of Lablab purpureus (L.) Sweet (syn. Dolichos lablab, or hyacinth bean) – a legume native to Africa and cultivated throughout the tropics for food and forage. Our Africa-led South-North plant genome collaboration produced a high-quality chromosomescale assembly of the lablab genome – the first chromosome-scale plant genome assembly locally sequenced in Africa. We also re-sequenced cultivated and wild accessions of lablab from Africa confirming two domestication events and examined the genetic diversity in lablab germplasm conserved in Africa. Our approach provides a valuable resource for lablab improvement and also presents a model that could be explored by other researchers sequencing indigenous crops particularly from Low and middle income countries (LMIC).</p>	
19. keywords Genome assembly, Lablab purpureus, hyacinth bean, orphan crop, genetic diversity	
20. publisher Cold Spring Harbor Laboratory	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s41586-022-04732-y	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop	
4. author(s) (family name, first name(s)) Kamal, Nadia; Tsardakas Renhuldt, Nikos; Bentzer, Johan; Gundlach, Heidrun; Haberer, Georg; Juhász, Angéla; Lux, Thomas; Bose, Utpal; Tye-Din, Jason A.; Lang, Daniel; van Gessel, Nico; Reski, Ralf; Fu, Yong-Bi; Spégel, Peter; Ceplitis, Alf; Himmelbach, Axel; Waters, Amanda J.; Bekele, Wubishet A.; Colgrave, Michelle L.; Hansson, Mats; Stein, Nils; Mayer, Klaus F. X.; Jellen, Eric N.; Maughan, Peter J.; Tinker, Nicholas A.; Mascher, Martin; Olsson, Olof; Spannagl, Manuel; Sirijovski, Nick	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 18.05.2022
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 8
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 54
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 4
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Cultivated oat (<i>Avena sativa</i> L.) is an allohexaploid (AACCCDD, $2n = 6x = 42$) thought to have been domesticated more than 3,000 years ago while growing as a weed in wheat, emmer and barley fields in Anatolia ^{1,2} . Oat has a low carbon footprint, substantial health benefits and the potential to replace animal-based food products. However, the lack of a fully annotated reference genome has hampered efforts to deconvolute its complex evolutionary history and functional gene dynamics. Here we present a high-quality reference genome of <i>A. sativa</i> and close relatives of its diploid (<i>Avena longiglumis</i> , AA, $2n = 14$) and tetraploid (<i>Avena insularis</i> , CCDD, $2n = 4x = 28$) progenitors. We reveal the mosaic structure of the oat genome, trace large-scale genomic reorganizations in the polyploidization history of oat and illustrate a breeding barrier associated with the genome architecture of oat. We showcase detailed analyses of gene families implicated in human health and nutrition, which adds to the evidence supporting oat safety in gluten-free diets, and we perform mapping-by-sequencing of an agronomic trait related to water-use efficiency. This resource for the <i>Avena</i> genus will help to leverage knowledge from other cereal genomes, improve understanding of basic oat biology and accelerate genomics-assisted breeding and reanalysis of quantitative trait studies.	
19. keywords Agricultural genetics, Evolutionary genetics, Genomics, Plant breeding, Polyploidy in plants	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1038/s42003-022-03256-5	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Genome analysis in Avena sativa reveals hidden breeding barriers and opportunities for oat improvement	
4. author(s) (family name, first name(s)) Tinker, Nicholas A.; Wight, Charlene P.; Bekele, Wubishet A.; Yan, Weikai; Jellen, Eric N.; Renhuldt, Nikos Tsardakas; Sirijovski, Nick; Lux, Thomas; Spannagl, Manuel; Mascher, Martin	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 18.05.2022
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 11
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 48
	14. no. of tables 3
	15. no. of figures 2
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract Oat (<i>Avena sativa</i> L.) is an important and nutritious cereal crop, and there is a growing need to identify genes that contribute to improved oat varieties. Here we utilize a newly sequenced and annotated oat reference genome to locate and characterize quantitative trait loci (QTLs) affecting agronomic and grain-quality traits in five oat populations. We find strong and significant associations between the positions of candidate genes and QTL that affect heading date, as well as those that influence the concentrations of oil and β -glucan in the grain. We examine genome-wide recombination profiles to confirm the presence of a large, unbalanced translocation from chromosome 1C to 1A, and a possible inversion on chromosome 7D. Such chromosome rearrangements appear to be common in oat, where they cause pseudo-linkage and recombination suppression, affecting the segregation, localization, and deployment of QTLs in breeding programs.	
19. keywords Agricultural genetics, Comparative genomics	
20. publisher Springer Science and Business Media LLC	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1093/plphys/kiac331	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Parasitic plant small RNA analyses unveil parasite-specific signatures of microRNA retention, loss, and gain	
4. author(s) (family name, first name(s)) Zangishei, Zahra; Annacondia, Maria Luz; Gundlach, Heidrun; Didriksen, Alena; Bruckmüller, Julien; Salari, Hooman; Krause, Kirsten; Martinez, German	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 21.07.2022
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 18
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 82
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 7
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract <p>Parasitism is a successful life strategy that has evolved independently in several families of vascular plants. The genera <i>Cuscuta</i> and <i>Orobanche</i> represent examples of the two profoundly different groups of parasites: one parasitizing host shoots and the other infecting host roots. In this study, we sequenced and described the overall repertoire of small RNAs from <i>Cuscuta campestris</i> and <i>Orobanche aegyptiaca</i>. We showed that <i>C. campestris</i> contains a number of novel microRNAs (miRNAs) in addition to a conspicuous retention of miRNAs that are typically lacking in other Solanales, while several typically conserved miRNAs seem to have become obsolete in the parasite. One new miRNA appears to be derived from a horizontal gene transfer event. The exploratory analysis of the miRNA population (exploratory due to the absence of a full genomic sequence for reference) from the root parasitic <i>O. aegyptiaca</i> also revealed a loss of a number of miRNAs compared to photosynthetic species from the same order. In summary, our study shows partly similar evolutionary signatures in the RNA silencing machinery in both parasites. Our data bear proof for the dynamism of this regulatory mechanism in parasitic plants.</p>	
19. keywords parasitic plant, <i>Cuscuta campestris</i> , small RNA	
20. publisher Oxford University Press (OUP)	21. price unknown

Document Control Sheet

1. ISBN or ISSN 10.1016/j.cell.2022.06.045	2. type of document (e.g. report, publication) publication
3. title Repeat-based holocentromeres influence genome architecture and karyotype evolution	
4. author(s) (family name, first name(s)) Hofstatter, Paulo G.; Thangavel, Gokilavani; Lux, Thomas; Neumann, Pavel; Vondrak, Tihana; Novak, Petr; Zhang, Meng; Costa, Lucas; Castellani, Marco; Scott, Alison; Toegelová, Helena; Fuchs, Joerg; Mata-Sucre, Yennifer; Dias, Yhanndra; Vanzela, André L. L.; Huettel, Bruno; Almeida, Cicero C. S.; Šimková, Hana; Souza, Gustavo; Pedrosa-Harand, Andrea; Macas, Jiri; Mayer, Klaus F. X.; Houben, Andreas; Marques, André	5. end of project 31.12.2021
	6. publication date 15.08.2022
	7. form of publication Scientific journal
8. performing organization(s) (name, address) Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH) - Abt. Plant Genome and Systems Biology	9. originator's report no. -
	10. reference no. 031A536B
	11. no. of pages 17
12. sponsoring agency (name, address) Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) 53170 Bonn	13. no. of references 103
	14. no. of tables 0
	15. no. of figures 7
16. supplementary notes yes	
17. presented at (title, place, date) -	
18. abstract The centromere represents a single region in most eukaryotic chromosomes. However, several plant and animal lineages assemble holocentromeres along the entire chromosome length. Here, we compare genome organization and evolution as a function of centromere type by assembling chromosome-scale holocentric genomes with repeat-based holocentromeres from three beak-sedge (<i>Rhynchospora pubera</i> , <i>R. breviuscula</i> , and <i>R. tenuis</i>) and their closest monocentric relative, <i>Juncus effusus</i> . We demonstrate that transition to holocentricity affected 3D genome architecture by redefining genomic compartments, while distributing centromere function to thousands of repeat-based centromere units genome-wide. We uncover a complex genome organization in <i>R. pubera</i> that hides its unexpected octoploidy and describe a marked reduction in chromosome number for <i>R. tenuis</i> , which has only two chromosomes. We show that chromosome fusions, facilitated by repeat-based holocentromeres, promoted karyotype evolution and diploidization. Our study thus sheds light on several important aspects of genome architecture and evolution influenced by centromere organization.	
19. keywords spatial genome organization, genome regulation, centromere, holocentric chromosomes, <i>Rhynchospora</i> , transposable elements, whole-genome duplication, dysploidy	
20. publisher Elsevier BV	21. price unknown