



**Universität für Bodenkultur Wien  
University of Natural Resources  
and Life Sciences, Vienna**


Department für Biotechnologie  
Department of Biotechnology

# MENSCHEN AN DER BOKU

## Heinz Himmelbauer



**„Wir sind nicht reine Theoretiker,  
wir sehen auch die praktische  
Arbeit und verknüpfen beides“**



## Das Innenleben der Rübe

Nomen est omen: der Bioinformatiker Heinz Himmelbauer residiert in luftiger Muthgasse -Höh' und in trauter Zwiesprache mit seinem Computer. Seit der Sequenzierung des menschlichen Genoms 2001 ist die Bioinformatik als Begriff auch in der breiteren Öffentlichkeit angekommen. An der wissenschaftlichen Laufbahn Himmelbauers lässt sich gut ablesen, wie rasant sich dieses Fachgebiet in den letzten Jahrzehnten entwickelt hat. Der gebürtige Oberösterreicher, der „schon immer an molekularen Grundlagen interessiert“ war, studierte Biologie mit Spezialisierung auf Genetik in Salzburg. „Damals, in den frühen 80ern, war das die einzige Uni in Österreich die so etwas anbot“, erzählt er.

In Österreich war es dem jungen Wissenschaftler erst einmal zu eng. Er arbeitete an einem Krebsforschungsinstitut in London und hat dort seine Dissertation geschrieben. Danach folgten zwei Jahre in Princeton, USA, ab 1995 arbeitete Himmelbauer in Berlin und befasste sich als Leiter einer Arbeitsgruppe mit Mausgenomik. Von der Maus wechselte er zum Fischmodell und ist nun seit 12 Jahren in der Pflanzen-genomik gelandet.

Die Zuckerrübe ist in mehrfacher Hinsicht interessant für die Forschung. Zunächst ist sie eine Pflanze von wirtschaftlicher Bedeutung. 25 Prozent des in der Welt produzierten Zuckers stammen aus der Zuckerrübe. Man hat mit der Erforschung von *Beta vulgaris* in der Arbeitsgruppe Himmelbauer schon begonnen, bevor es die moderne Sequenzierung gab. „Durch die schnelle Entwicklung sind diese Anfänge sozusagen überrollt worden; man konnte die Ergebnisse aber dennoch äußerst gewinnbringend in die anschließende Sequenzierung des Zuckerrübengenoms einbringen“.

Warum sequenziert man eine Pflanze? Mit der Genomsequenzierung kann man dem „Bauplan“ einer Spezies ziemlich nahekommen, auch wenn es innerhalb der Art verschiedene Varietäten gibt. Dass die rote Bete mit der Zuckerrübe verschwimmt ist, kann nicht überraschen, sieht sie doch wie ein Rübe aus, aber dass auch Mangold eine Rübenvarietät ist, wirkt schon erstaunlicher, wenn man nur vom Phänotyp, das heißt, wie etwas äußerlich aussieht, ausgeht.

„Wir wissen noch nicht genau, wie diese Unterschiede zustande kommen“, erklärt Himmelbauer. „Innerhalb der Art war jedenfalls die züchterische Selektion wirksam. Man versucht nun herauszufinden, welche Gene davon betroffen sind. Die Bereiche, die in unterschiedlichen Sorten gleich sind, sind die, die selektiert wurden. Das ist bei der Zuckerrübe besonders auffällig. Die Pflanze blüht im zweiten Jahr; sie hat also einen zweijährigen Lebenszyklus, im Gegensatz zu den Wildrüben, die zumeist einjährig sind und im selben Jahr keimen und blühen. Die Eigenschaft ‚Einjährigkeit‘ war bei den Züchtern unbeliebt, da sie an der Rübe und nicht an der Blüte interessiert sind. Also wurde diese Eigenschaft herausselektiert. Für einen Bioinformatiker hat diese Selektion deutlich sichtbare Spuren im Genom der Zuckerrübe hinterlas-

**„Bei Wildrüben gibt es viele Krankheitsresistenzen die man in die Zuckerrüben hineinzüchten könnte“**



sen. Um Zusammenhänge besser zu verstehen, muss man sich auch die Stammform, also die Wildrüben, anschauen. Zum Beispiel die *Beta maritima*, die, wie ihr Name sagt, an Meeresküsten des Baltikums, am Atlantik und im Mittelmeerraum vorkommt und salztolerant ist. Wir haben 250 unterschiedliche ‚Herkünfte‘ von *Beta maritima* aus Repositorien bezogen und untersuchen jetzt ihre Genome. Das ist auch von wirtschaftlichem Interesse, denn bei diesen Wildrüben gibt es viele Krankheitsresistenzen die bedeutsam werden können, weil man diese in die Zuckerrüben hineinzüchten könnte“. Im Rahmen eines Projektes der FFG, das heuer angelaufen ist, werden die Genome von 250 Zuckerrüben und 250 Wildrüben verglichen. Dabei kommen derart umfangreiche Datenmengen zustande, die sich ein Laie gar nicht vorstellen kann. Zur Bearbeitung und Interpretation der Sequenzdaten braucht man deshalb Hochleistungsrechner, wie beispielsweise den am Biotechnologie-Department der BOKU aufgebauten Rechencluster. Die in diesen Genomen enthaltenen Varianten werden ermittelt, alle Rüben miteinander verglichen und die identischen Bereiche angeschaut. Bei vielen Genen weiß man ja schon, welche Rolle sie in der Pflanze erfüllen. Genfunktionen bleiben während der Evolution erhalten; man kann die Erkenntnisse, die anderswo an intensiv beforschten Modellpflanzen wie der Ackerschmalwand (*Arabidopsis*) erzielt wurden, auf die Zuckerrübe übertragen.“

Die Sequenzdaten an sich können heutzutage billig erstellt werden. Sie zu analysieren muss man lernen. Kenntnisse in Bioinformatik sind in den Lebenswissenschaften unverzichtbar. Daher gibt es auch schon im Bachelorstudiengang Lebensmittel- und Biotechnologie eine entsprechende Vorlesung. Himmelbauer wird dazu auch Übungen einführen. Welche Eigenschaften braucht ein Bioinformatiker außer seinem Fachwissen? Himmelbauer: „Man muss gern am Rechner arbeiten und darf nicht allzu quirlig sein. Man muss imstande sein, sich einen sehr genauen Arbeitsablauf zurechtzulegen. Man muss aus dem Datenrauschen wo es sehr viele Fehlerquellen gibt, die richtigen Informationen herausfiltern können. Man braucht Verständnis für die Molekularbiologie, man muss wissen, was im Labor passiert. Wir sind nicht reine Theoretiker, wir sehen auch die praktische Arbeit und verknüpfen beides“.



## Himmelbauer Heinz

### Personal Data

Date and Place of Birth:	September 19, 1964, Linz
Nationality:	Austria
Academic Degree:	Mag. Dr.
Affiliation:	University of Natural Resource and Life Sciences Vienna Department of Biotechnology Muthgasse 18, A-1190 Vienna, Austria
Website:	<a href="http://seq.boku.ac.at">http://seq.boku.ac.at</a>

### Academic Credentials

2000	Habilitation, University of Salzburg
1991	Dr. rer. nat., University of Salzburg
1988	Mag. rer. nat., University of Salzburg

### Academic Credentials

Since 2015	Full Professor, University of Natural Resource and Life Sciences
2008-2015	Unit Head, Genomics Unit, Center for Genomic Regulation, Barcelona, Spain
1995-2015	Group leader and guest group leader, Max Planck Institute for molecular Genetics, Berlin, Germany
1993-1995	Postdoc, Institute for Molecular Pathology (IMP), Vienna
1991-1993	Postdoc, Princeton University, Princeton, NJ, U.S.A.
1988-1991	Ph.D. student, Imperial Cancer Research Fund (ICRF), London, U.K.
1987-1988	Diploma student, Imperial Cancer Research Fund (ICRF), London, U.K.

### Research Interests

Plasticity of genome structure and expression

### Publication records

SCI papers 110 (Google Scholar: 9289 citations, h-index 32)

### Ausgewählte Publikationen

Vlasova A., Capella-Gutiérrez S., Rendón-Anaya M., Hernández-Oñate M., Minoche A.E., Erb I., Càmara F., Prieto-Barja P., Corvelo A., Sanseverino W., Westergaard G., Dohm J.C., Pappas G.J. Jr., Sa-burido-Alvarez S., Kedra D., Gonzalez I., Cozzuto L., Gómez-Garrido J., Aguilar-Morón M.A., Andreu N., Aguilar O.M., Garcia-Mas J., Zehnsdorf M., Vázquez M.P., Delgado-Salinas A., Delaye L., Lowy E.,

Mentaberry A., Vianello-Brondani R.P., García J.L., Alioto T., Sánchez F., **Himmelbauer H.**, Santalla M., Notredame C., Gabaldón T., Herrera-Estrella A., Guigó R. (2016). GENOME AND TRANSCRIPTOME ANALYSIS OF THE MESOAMERICAN COMMON BEAN AND THE ROLE OF GENE DUPLICATIONS IN ESTABLISHING TISSUE AND TEMPORAL SPECIALIZATION OF GENES. *Genome Biology* 17:32.

---

Patalano S., Vlasova A., Wyatt C., Ewels .P, Camara F., Ferreira P.G., Asher C.L., Jurkowski T.P., Segonds-Pichon A., Bachman M., González-Navarrete I., Minoche A.E., Krueger F., Lowy E., Marcet-Houben M., Rodríguez-Ales J.L., Nascimento F.S., Balasubramanian S., Gabaldon T., Tarver J.E., Andrews S., **Himmelbauer H.**, Hughes W.O., Guigó R., Reik W., Sumner S. (2015). MOLECULAR SIGNATURES OF PLASTIC PHENOTYPES IN TWO EUSOCIAL INSECT SPECIES WITH SIMPLE SOCIETIES. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 112:13970-13975.

---

Minoche A.E., Dohm J.C., Schneider J., Holtgräwe D., Viehöver P., Montfort M., Rosleff Sörensen T., Weisshaar B., **Himmelbauer H.** (2015). EXPLOITING SINGLE-MOLECULE SEQUENCING FOR EUKARYOTIC GENE PREDICTION. *Genome Biology* 16:184.

---

Olalde I., Sánchez-Quinto F., Prado-Martinez J., Datta D., Marigorta U.M., Chiang C.W.K., Rodríguez J.A., Fernández-Callejo M., González I., Montfort M., Lorente-Galdos B., Matas-Lalueza L., Luiselli D., Charlier P., Pettener D., Ramirez O., Novembre J., Navarro A., **Himmelbauer H.**, Marquès-Bonet T., Lalueza-Fox C. (2014). GENOMIC ANALYSIS OF THE BLOOD ATTRIBUTED TO LOUIS XVI (1754-1793), KING OF FRANCE. *Scientific Reports* 4:4666.

---

Dohm J.C., Minoche A.E., Holtgräwe D., Capella Gutiérrez S., Zakrzewski F., Tafer H., Rupp O., Rosleff Sörensen T., Stracke R., Reinhardt R., Goesmann A., Kraft T., Schulz B., Stadler P.F., Schmidt T., Gabaldón T., Lehrach H., Weisshaar B., **Himmelbauer H.** (2014). THE GENOME OF SUGAR BEET (BETA VULGARIS) A RECENTLY DOMESTICATED CROP. *Nature* 505, 546-549.

---

Ibarra-Laclette E., Lyons E., Hernández-Guzmán G., Pérez-Torres C.A., Carretero-Paulet L., Chang T.H., Lan T., Welch A.J., Abraham Juárez M.J., Simpson J., Fernández-Cortés A., Arteaga-Vázquez M., Góngora-Castillo E., Acevedo-Hernández G., Schuster S.C., **Himmelbauer H.**, Minoche A.E., Xu S., Lynch M., Oropeza-Aburto A., Cervantes-Pérez S.A., de Jesús Ortega-Estrada M., Cervantes-Luevano J.I., Michael T.P., Mockler T., Bryant D., Herrera-Estrella A., Albert V.A., Herrera-Estrella L. (2013). ARCHITECTURE AND EVOLUTION OF A MINIMAL PLANT GENOME. *Nature* 498, 94-98.

---

Pin P.A., Zhang W., Vogt S.H., Dally N., Büttner B., Schulze-Buxloh G., Jelly N.S., Chia T.Y.P., Muta-s-Göttgens E.S., Dohm J.C., **Himmelbauer H.**, Weisshaar B., Kraus J., Gielen J.J.L., Lommel M., Weyens G., Wahl B., Schechert A., Nilsson O., Jung C., Kraft T., Müller A.E. (2012). A PSEUDO-RESPONSE REGULATOR GENE CONTROLS LIFECYCLE ADAPTATION IN BEET. *Current Biology* 22, 1095-2101.

---

Dohm J.C., Lange C., Holtgräwe D., Rosleff Sörensen T., Borchardt D., Schulz B., Lehrach H., Weisshaar B., **Himmelbauer H.** (2012). PALAEOHEXAPLOID ANCESTRY FOR CARYOPHYLLALES INFERRED FROM EXTENSIVE GENE-BASED PHYSICAL AND GENETIC MAPPING OF THE SUGAR BEET GENOME. *Plant J* 70, 528-540.

---

Minoche A.E., Dohm J.C., **Himmelbauer H.** (2011). EVALUATION OF GENOMIC HIGH-THROUGHPUT SEQUENCING DATA GENERATED ON ILLUMINA HISEQ AND GENOME ANALYZER SYSTEMS. *Genome Biology* 12:R112.

---

Vivancos A.P., Güell M., Dohm J.C., Serrano L., **Himmelbauer H.** (2010). STRAND-SPECIFIC SEQUENCING OF THE TRANSCRIPTOME. *Genome Research* 20, 989-999.

---

Dohm J.C., Lange C., Reinhardt R., **Himmelbauer H.** (2009). HAPLOTYPE DIVERGENCE IN BETA VULGARIS AND MICROSYPNTENY WITH SEQUENCED PLANT GENOMES. *Plant Journal* 57, 14-26.

---

Dohm J.C., Lottaz C., Borodina T., **Himmelbauer H.** (2008). SUBSTANTIAL BIASES IN ULTRA-SHORT READ DATA SETS FROM HIGH-THROUGHPUT DNA SEQUENCING. *Nucleic Acids Res.* 36, e105.



**Univ.Prof. Mag. Dr.rer.nat. Heinz Himmelbauer**

Department für Biotechnologie (DBT)  
Institut für Biotechnologie

1190 Wien, Muthgasse 18  
heinz.himmelbauer@boku.ac.at  
Tel.: +43 1 47654-79155

**Universität für Bodenkultur Wien**  
**BOKU - University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna**

1180 Wien, Gregor-Mendel-Straße 33  
Tel. (+43 1) 47654-0 [www.boku.ac.at](http://www.boku.ac.at)

Das Interview führte Ingeborg Sperl aus Anlass der Antrittsvorlesung von  
Heinz Himmelbauer am 20. Oktober 2016. Foto: Ingeborg Sperl