

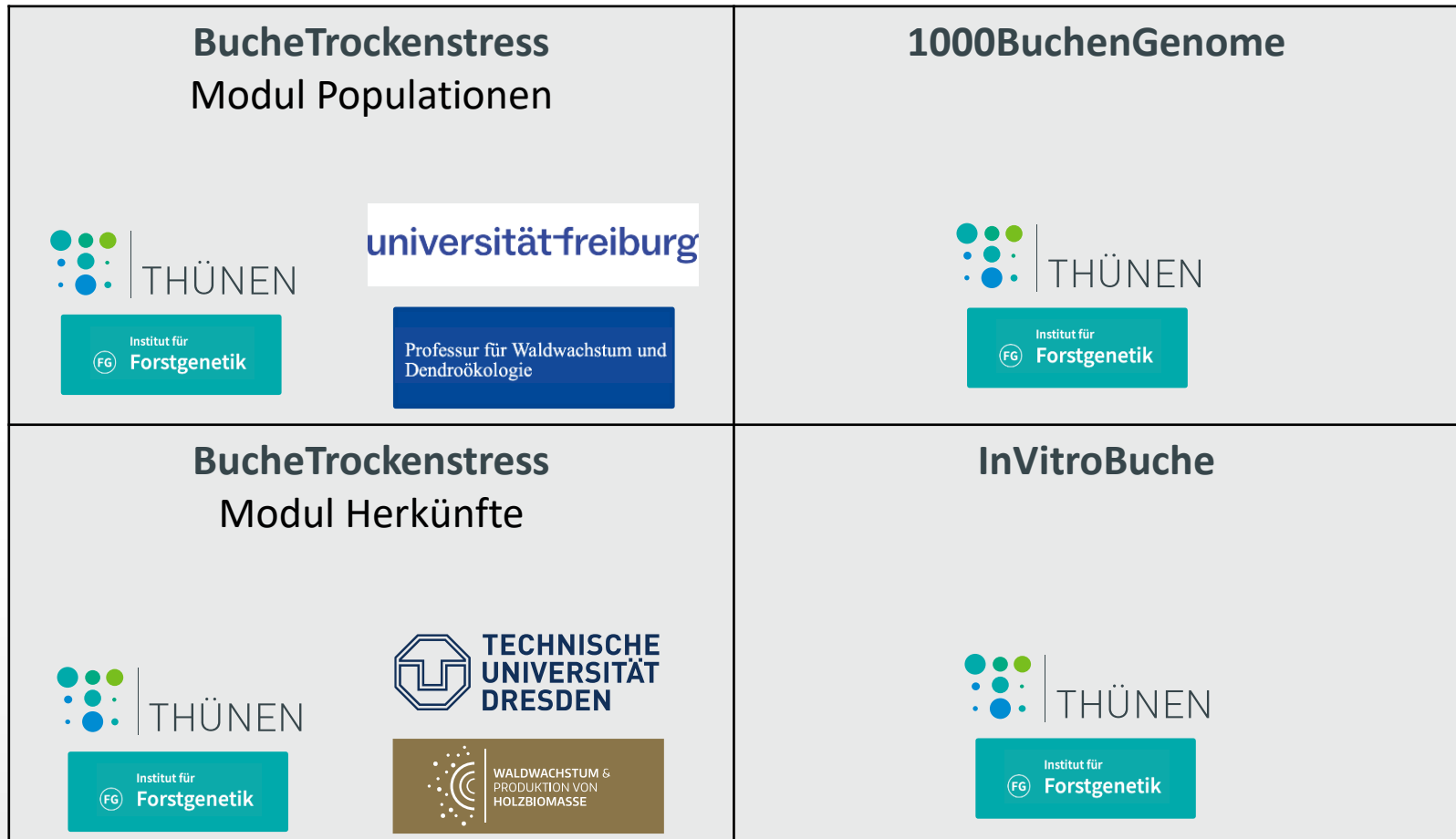
Forstpflanzenzüchtung: Wälder fit machen für den Klimawandel

Buche TIG: Trockenstress – In-vitro-Kultur – Genomik

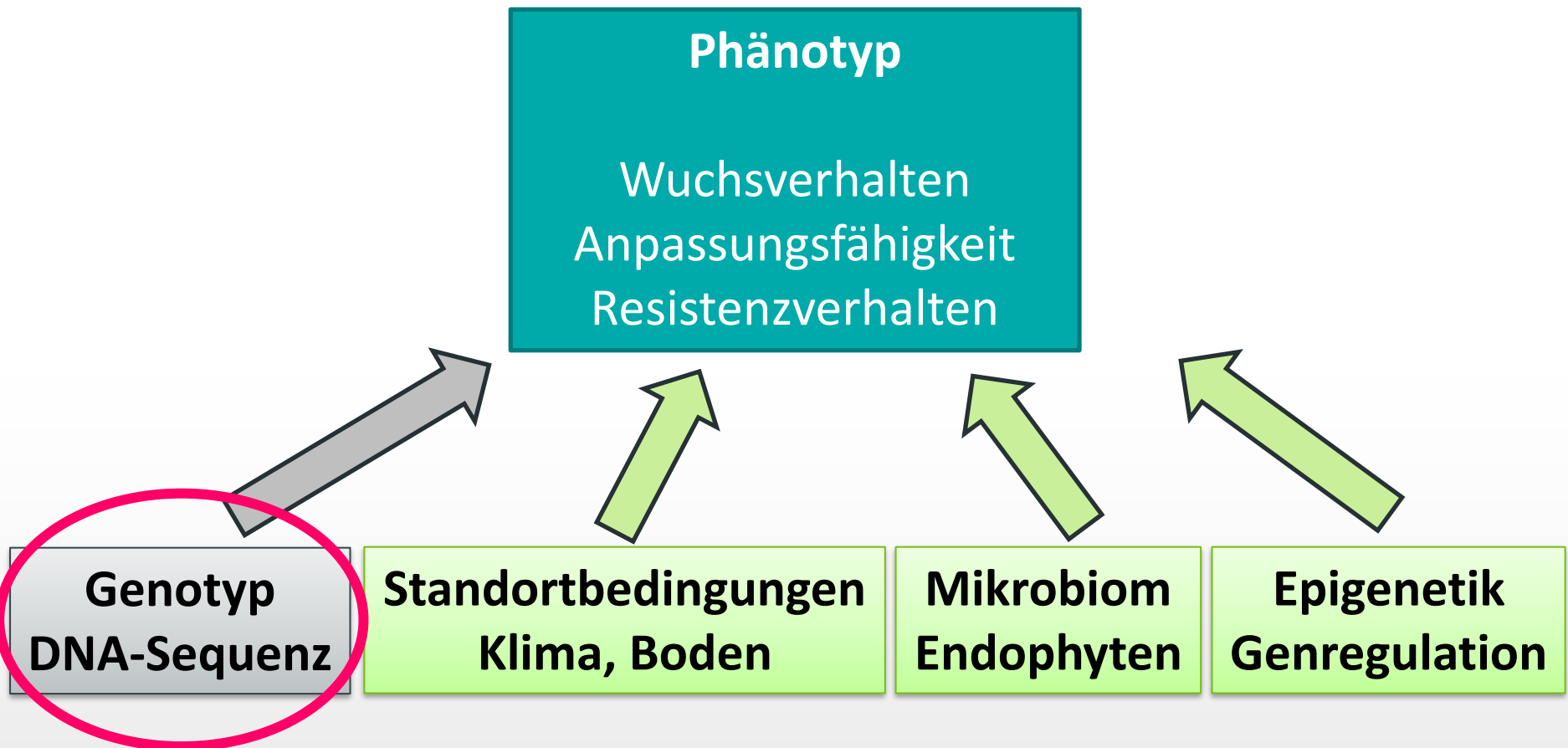
Heike Liesebach

Thünen-Institut für Forstgenetik





Buche TIG: Trockenstress – In-vitro-Kultur – Genomik



1: BucheTrockenstress – Modul Populationen

Ziele

- Quantifizierung der genetischen und der umweltbedingten Komponente der Merkmalsvarianz
- Abschätzung der Adaptionfähigkeit von Buchenbeständen

Auffinden von Familien/Verwandtschaftsgruppen in natürlich verjüngten Buchenbeständen

Quantifizierung der Trockenstresstoleranz: Jahrringmuster in Bezug zu Klimadaten

→ Vergleich der Trockenstresstoleranz innerhalb und zwischen Familien

Um wieviel sind genetisch verwandte Bäume auch phänotypisch ähnlicher?

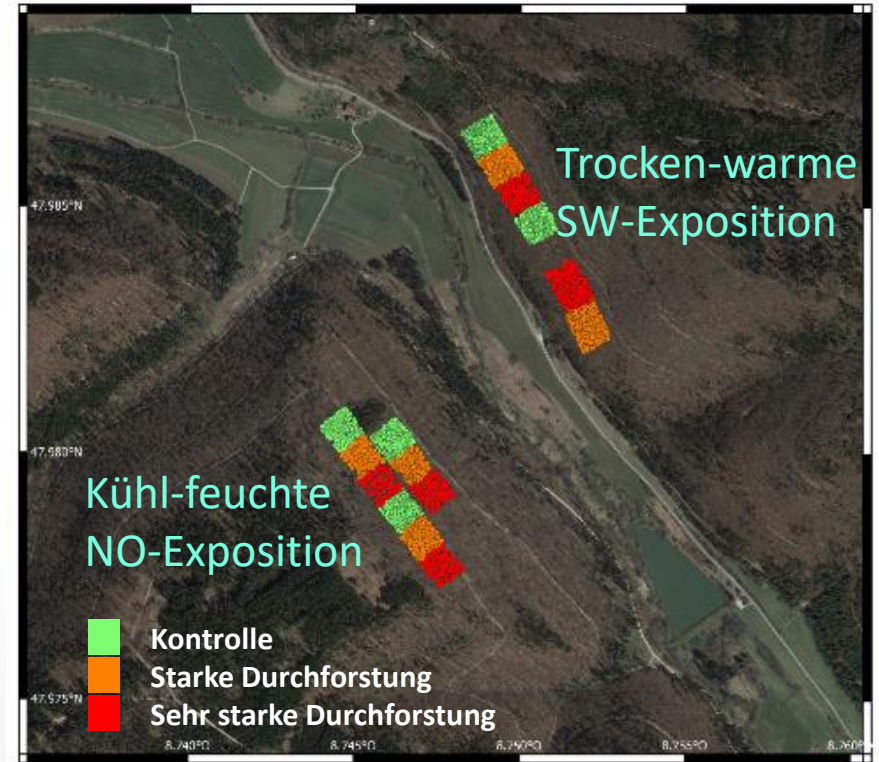
1: BucheTrockenstress – Modul Populationen

Versuchsmaterial

- auf der Schwäbischen Alb (Möhringen, BW)
- Steile Hanglagen, nie landwirtschaftlich genutzt
- Kahlschläge in den 1920er – 1930er Jahren
- Naturverjüngung mit Pflegeeingriffen

Eingemessene Flächen der Uni Freiburg seit 1999

ca. 2400 Bäumen zur Genotypisierung
mit Mikrosatellitenmarkern

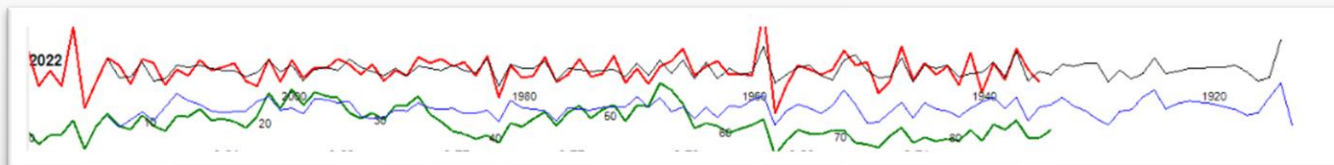
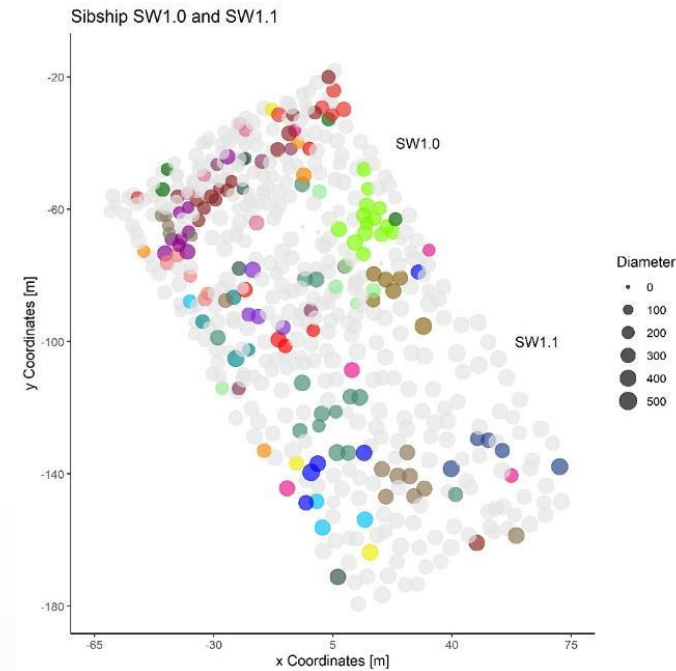


1: BucheTrockenstress – Modul Populationen

Verwandtschaftsanalyse

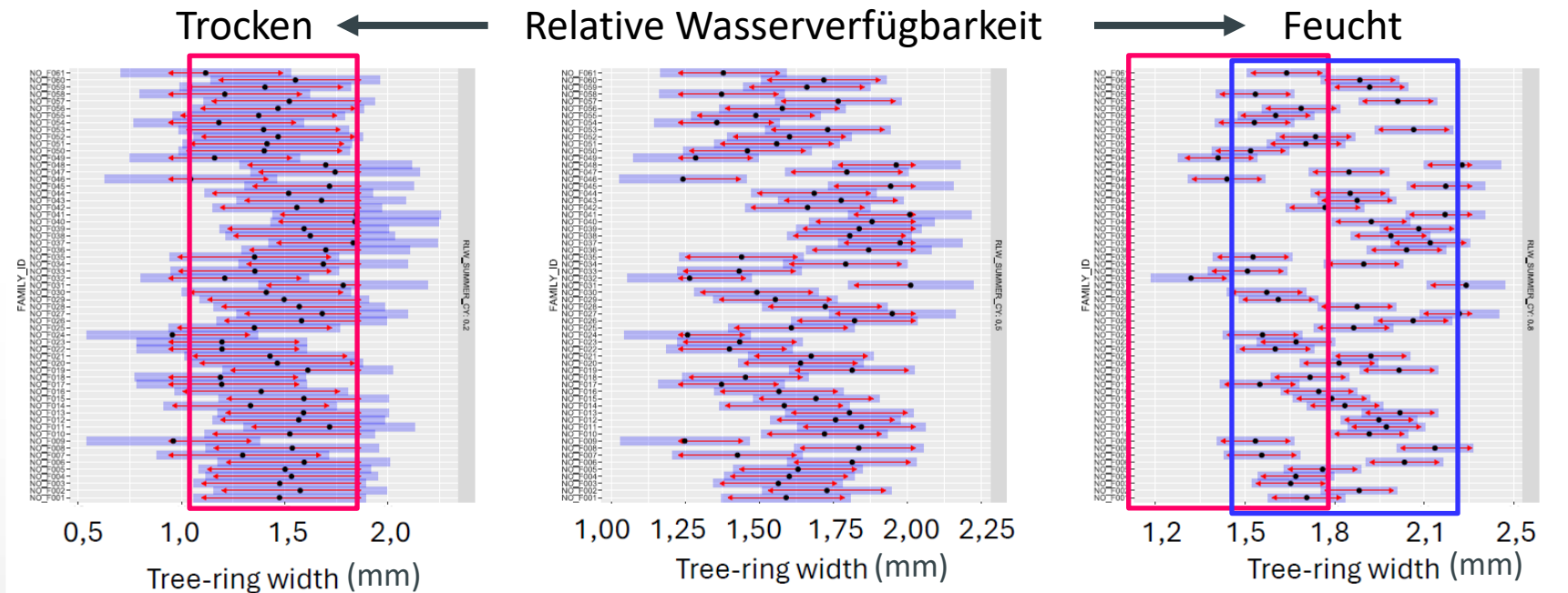
Familienstruktur in natürlich verjüngten
Buchenpopulationen

Insgesamt 85 Familien
mit 5 – 16 Bäumen identifiziert



1: BucheTrockenstress – Modul Populationen

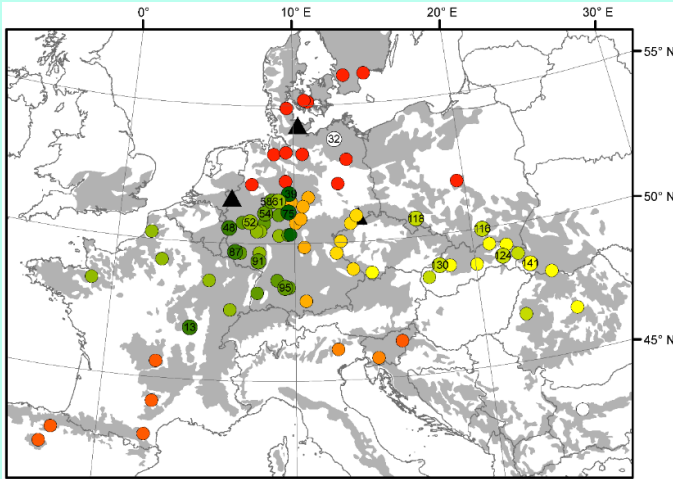
Beispiel Nordost-Hang: 61 Familien mit 345 Bäumen



Masterarbeit Lea Biermann 2024 (Uni Freiburg)

2: BucheTrockenstress – Modul Herkünfte

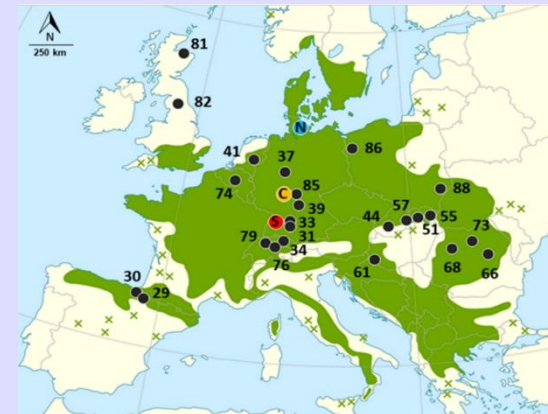
Phänotypische Merkmalsausprägung standorts- und/oder herkunftsbedingt?



Herkunftsversuch (1993)

- Großräumige Struktur bei Wuchs und Stammform im Alter 25
- Kleinräumig eher als Patchwork mit größeren Streuungen
- keine Herkunft-Umwelt-Interaktion bei 3 Flächen

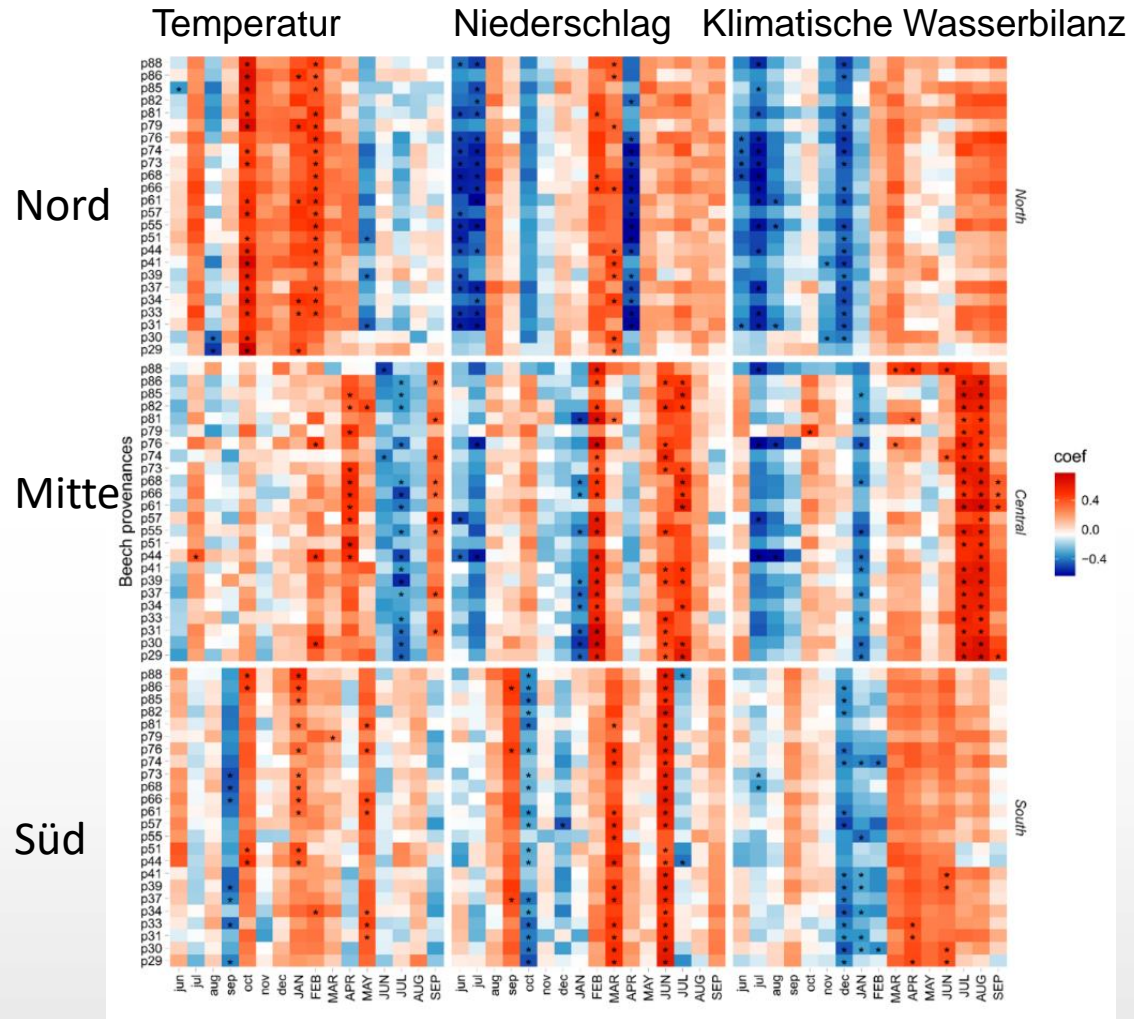
Quantifizierung der Klimasensitivität
mit Material aus einem **Herkunftsversuch (1988)**
24 Herkünfte, Bohrkerne von je 10-15 Individuen
Messung von Jahrringbreiten, quantitative Holzanatomie



2: BucheTrockenstress – Modul Herkünfte

Messung von Jahrringbreiten und Assoziation mit Klimafaktoren an 3 Standorten (2000-2020)

- starke Standortunterschiede bei der Klimasensitivität des Jahrringwachstums
- Unterschiede zwischen den Herkünften weniger eindeutig



3: InVitroBuche

Etablierung von In-vitro-Kulturen und Produktion in-vitro vermehrter Klone als Werkzeuge für Forschung und Züchtungsprogramme

- Mit Gelingen der wurzelechten Klonvermehrung bei der Buche eröffnen sich viele experimentelle Möglichkeiten in der Züchtungs- und Resistenzforschung bei dieser wichtigen Baumart



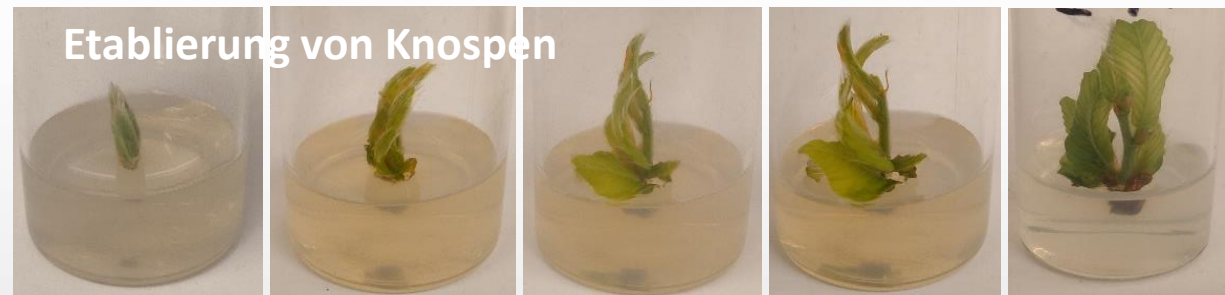
3: InVitroBuche

Etablierung von In-vitro-Kulturen und Produktion in-vitro vermehrter Klone als Werkzeuge für Forschung und Züchtungsprogramme

Aktuell mehr als 500 Klone in der in vitro-Kultur



Bewurzelungsraten 30 – 70 % mit großen Streuungen zwischen den Herkünften



Day 7

Day 14

Day 28

Day 35

4: 1000BuchenGenome

Charakterisierung der genetischen Architektur anpassungsrelevanter Merkmale

Ziel Genomweite Analyse lokaler Anpassung und genomische Vorhersage zukünftiger Anpassungsfähigkeit

Bisher Kompletengenomsequenzierung von 900 Buchen aus 100 Herkunftten (Herkunftsversuch)

→ **653 nicht verwandte Individuen aus 98 Populationen**



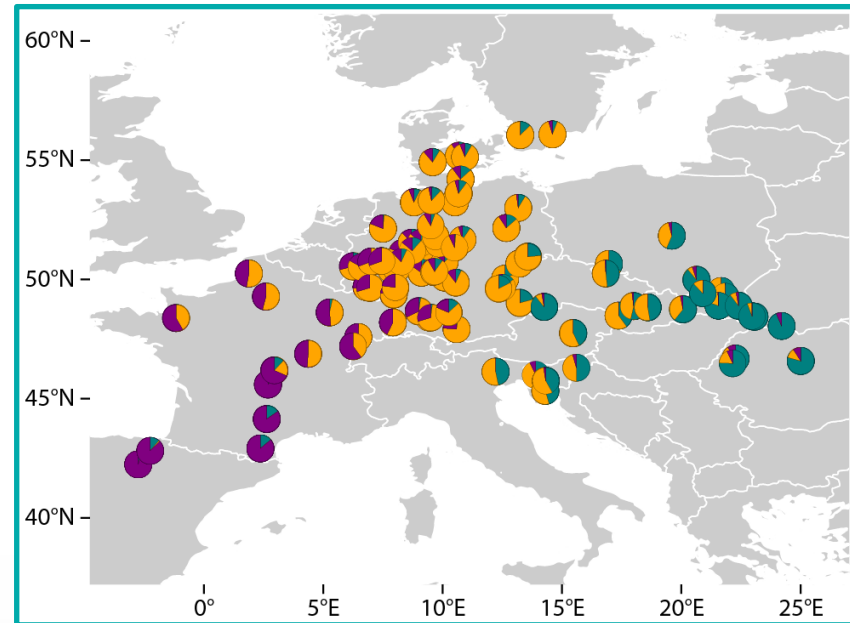
Versuchsfläche Schädtebek während des Austriebs

4: 1000BuchenGenome

3 große genetische Cluster im Verbreitungsgebiet

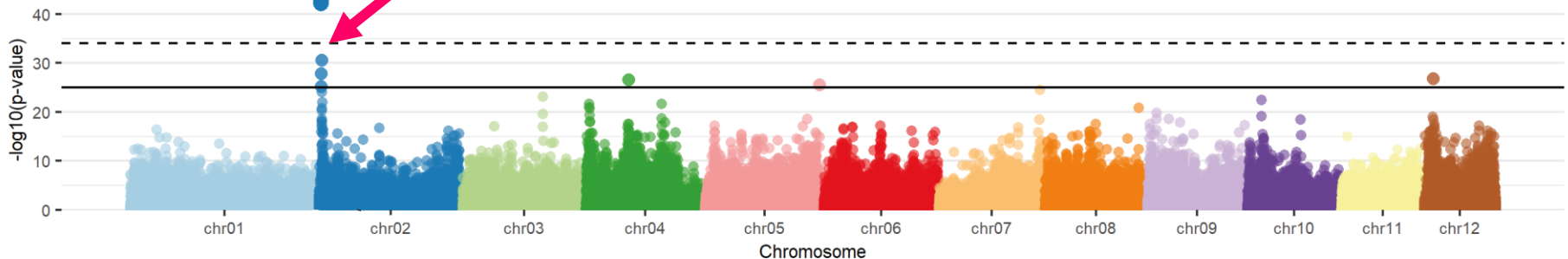
- Regionale Populationen
- Lokale Anpassung wird erwartet

große Amplitude der Umweltbedingungen,
z.B. 4 bis 14 Grad für mittl. Jahrestemperatur



Chromosom 2

Genotyp-Umwelt-Assoziation für die Minimumtemperatur des kältesten Monats



Verbundprojekt „Buche TIG“

Zusammenfassung

<p>BucheTrockenstress Modul Populationen</p> <ul style="list-style-type: none">• Deutliche Unterschiede zwischen Familien weisen auf genetische Komponente hin• Quantifizierung noch in Arbeit	<p>1000BuchenGenome</p> <ul style="list-style-type: none">• Lokale Anpassung im Verbreitungsgebiet vorhanden• Weitere Auswertung zu Umweltfaktoren und Merkmalen
<p>BucheTrockenstress Modul Herkünfte</p> <ul style="list-style-type: none">• starke Standortsunterschiede bei der Klimasensitivität des Jahrringwachstums• Wenig Unterschiede zwischen den Herkünften	<p>InVitroBuche</p> <ul style="list-style-type: none">• Klonmaterial für Experimente unter kontrollierten Bedingungen wird verfügbar sein

Projektergebnisse und Schlussfolgerungen für die Praxis

Ist die Wahl der richtigen Herkunft wichtig?

Ja, zumindest großräumig ist lokale Anpassung auf genetischer Ebene sichtbar und bei Wuchsleistung ebenfalls bekannt

Aber die deutlichen Unterschiede zwischen Familien innerhalb von Populationen zeigen die Wichtigkeit von großen und diversen Populationen

Ressourcen für weitere Forschung

- Umfangreiche genomische Daten aus Vollgenom-Sequenzierungen
- Klonmaterial für Experimente unter kontrollierten Bedingungen

Verbundprojekt „Buche TIG“



Dr. Heike Liesebach



Dr. Khira Deecke



Dr. Pascal Eusemann



Hannah Dibbern



Dr. Ben Bubner



Franka Thiesen



Diana Morgenroth

universität freiburg

Professur für Waldwachstum und Dendroökologie



Dr. Dominik Stangler



Prof. Hans-Peter Kahle



Melchior Schliephack



Robert Linne



Dr. Niels Müller



Dr. Cornelia Geßner



Desanka Lazic



Dr. Mirko Liesebach



Katharina Liepe



Dr. Lucrezia Unterholzner



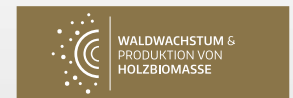
Juliane Stolz, M.Sc.



Dr. Elham Elzami



Dr. Ernst van der Maaten





Waldklimafonds

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Umwelt, Naturschutz,
nukleare Sicherheit
und Verbraucherschutz

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages



Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V.

Vielen Dank!



Projektfördernummer: 2219WK60A4