

Entwicklung genetischer Marker zur Analyse von Anpassungen an Trockenstress bei Trauben-Eiche und Buche

Ben Targem, M¹; Zormpa, O²; Götz, J²; Schneider, TMT¹; Budde, K²; Köbel, R³; Hofmann, M³; Steiner, W³; Hertel, D⁴; Leuschner, C⁴; Curtu, AL⁵; Müller, M²; Gailing, O²; Wildhagen, H¹.

¹ Hochschule für Angewandte Wissenschaft und Kunst Hildesheim/Holzminden/Göttingen (HAWK), Fakultät Ressourcenmanagement Göttingen

² Georg-August-Universität Göttingen, Fakultät für Forstwissenschaften und Waldökologie, Abt. Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung

³ Nordwestdeutsche Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt

⁴ Georg-August-Universität Göttingen, Abt. Ökologie und Ökosystemforschung, Albrecht-von-Haller-Institut für Pflanzenwissenschaften

⁵ Facultatea de Silvicultură și exploatarea forestiere; Universitatea Transilvania din Braşov, Romania

Waldökosysteme haben neben anderen Funktionen wie dem Erhalt der Biodiversität und der Produktion des Rohstoffs Holz eine besondere Bedeutung als Kohlenstoffsenke. Diese Senkenfunktion ist abhängig von der Zusammensetzung und Vitalität der Wälder. Als Konsequenz des Klimawandels wird für Deutschland eine Abnahme des Flächenanteils und der Produktivität von Rotbuche und ein Anstieg des Flächenanteils von Eichen prognostiziert. Um das CO₂-Senkenpotenzial von Buchen- und Eichenlaubwaldökosystemen in Deutschland zu erhalten bzw. zu stärken, ist es erforderlich trockenheitsangepasste Ökotypen und Individuen zu identifizieren und unter Erhalt genetischer Vielfalt gezielt fördern zu können. Dazu sollen in diesem Projekt genetische Marker für Trockenstresstoleranz von Rotbuche und Trauben-Eiche entwickelt werden. Mit Hilfe genomweiter Assoziationsstudien mit natürlichen Populationen von Buche und Trauben-Eiche aus West-Rumänien werden signifikante Assoziationen zwischen phänotypischen Trockenstressmerkmalen und Einzelnukleotidpolymorphismen (SNPs) getestet werden. Natürliche Populationen entlang von standörtlichen Trockenheitsgradienten in West-Rumänien sind für diesen Ansatz besonders geeignet, weil das gegenwärtige Klima dort den klimatischen Bedingungen stark ähnelt, die in Deutschland in etwa 50 Jahren zu erwarten sind (space-for-time-substitution-Ansatz). Auf Basis einer Genom-Resequenzierung wurden für beide Arten genomische Regionen mit hoher Variabilität identifiziert. In den Jahren 2021 und 2022 wurde von 465 rumänischen Trauben-Eichen und 500 Rot-Buchen Blattmaterial für die Phänotypisierung gesammelt. Ergänzend zur Freilandstudie in Rumänien werden mit dem gleichen methodischen Ansatz vergleichende Analysen in Eichen-Herkunftsversuchen in Deutschland durchgeführt. Zusätzlich wurden Trockenstressexperimente mit kontrollierter Bodenwasserverfügbarkeit mit Jungpflanzen von Buche und Trauben-Eiche durchgeführt. Durch die Untersuchung unterschiedlicher Herkünfte, Populationen und Altersstufen beider Arten soll ermöglicht werden, zuverlässige genetische Marker für Trockenstressreaktionen beider Arten zu erkennen. Diese Marker könnten perspektivisch eingesetzt werden, um Bäume und Ökotypen mit hoher Vitalität unter zukünftigen klimatischen Bedingungen in Deutschland zu identifizieren.