

Themenschwerpunkt: Bäume der Zukunft – Baumartenwahl im Klimawandel

**Analyse genomweiter genetischer Variation und ihre Assoziation mit  
anpassungsrelevanten Merkmalen bei der Rotbuche**

**Projekt: GenVarBuche**

Markus Müller<sup>1</sup>, Christoph Leuschner<sup>2</sup>, Greta Weithmann<sup>2</sup>, Robert Weigel<sup>2</sup>, Bat-Enerel Banzragch<sup>2</sup>,  
Wilfried Steiner<sup>3</sup>, Martin Hofmann<sup>3</sup>, Daniel Schmidt<sup>3</sup>, Oliver Gailing<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2,  
37077 Göttingen, forstgen@gwdg.de

<sup>2</sup>Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Pflanzenökologie und Ökosystemforschung, Untere  
Karspüle 2, 37073 Göttingen

<sup>3</sup>Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt, Abteilung Waldgenressourcen, Prof.-Oelkers-Str. 6, 34346  
Hann. Münden

Die Bewirtschaftung und Bewahrung von Buchenwäldern unter sich ändernden klimatischen Bedingungen ist aufgrund ihrer ökologischen und ökonomischen Bedeutung von besonderem Interesse. Daher sind Kenntnisse über die genetische Basis der Umwelanpassung bei der Rotbuche von besonderer Bedeutung. Mit dem Projekt GenVarBuche soll das Verständnis von Anpassungsprozessen bei der Buche erweitert werden. Darüber hinaus sollen Grundlagen für die Identifikation von Genotypen und Herkünften gelegt werden, die am besten für bestimmte Umweltbedingungen geeignet sind und auch zukünftig eine hohe Angepasstheit in Verbindung mit einem hohen Ertragspotential gewährleisten. In enger Zusammenarbeit mit dem Projekt BEECHLIMITS werden Buchenbestände entlang eines Niederschlagsgradienten sowie zusätzliche Populationen aus Deutschland mittels *Genotyping by Sequencing* analysiert, um genomweite genetische Variation zu identifizieren. Insgesamt wurden 13.493 hochqualitative Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) identifiziert und für Assoziationsanalysen mit Umwelt- und baumphysiologischen Merkmalen verwendet. Es wurden 38 SNPs identifiziert, die übereinstimmend mit unterschiedlichen Methoden signifikante Assoziationen zeigten und damit potenziell an der Umwelanpassung beteiligt sind. Die identifizierten SNPs sowie weitere potenziell adaptive und neutrale SNPs werden verwendet, um 2000 Individuen aus einer Versuchsserie zu genotypisieren. Dafür wurden Bäume von 13 Herkünften an jeweils zwei unterschiedlichen (Versuchs-)Standorten beprobt. Es werden die Merkmale Höhenwuchsleistung, Brusthöhendurchmesser, Austrieb, Herbstfärbung, spezifische Blattfläche und die Stomatadichte aufgenommen und für Assoziationsanalysen verwendet. Die Ergebnisse sollen sowohl signifikante SNPs validieren als auch Erkenntnisse über die jeweilige Relevanz von genetischen und Umwelteffekten auf die Merkmalsausprägung bei der Buche ergeben.