

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

Projekt: GenVarBuche

Markus Müller¹, Christoph Leuschner², Greta Weithmann², Robert Weigel², Bat-Enerel Banzragch², Wilfried Steiner³, Martin Hofmann³, Daniel Schmidt³, Oliver Gailing¹

¹Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Büsgenweg 2, 37077 Göttingen

²Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Pflanzenökologie und Ökosystemforschung, Untere Karspüle 2, 37073 Göttingen

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

Einleitung

Die Bewirtschaftung und Bewahrung von Buchenwäldern unter sich ändernden klimatischen Bedingungen ist aufgrund ihrer ökologischen und ökonomischen Bedeutung von besonderem Interesse. Es zeigt sich, dass der Klimawandel aufgrund von zunehmender Trockenheit und Hitze einen negativen Einfluss auf die Vitalität von Buchenbeständen hat. Daher sind Kenntnisse über die genetische Basis der Umweltanpassung 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.

Methoden

- Identifikation genomweiter genetischer Variation mittels *Genotyping by Sequencing* (GBS) in 43 Buchenaltbeständen (429 Individuen) (Abb. 1).
- Genomweite Assoziationsanalysen mit Umweltvariablen und baumphysiologischen Merkmalen aus dem Projekt BEECHLIMITS (gefördert im Rahmen des Waldklimafonds).
- Identifizierung, Beprobung und phänotypische Charakterisierung von Bäumen einer Versuchsserie (Herkunftsversuch), die auf zwei Standorten repliziert wurde (Abb. 2).
- Genotypisierung ausgewählter genetischer Variation (SNPs) in den Herkunftsversuchen und Assoziationsanalysen mit den aufgenommen Parametern.
- Charakterisierung von Kandidatengenen für die lokale Anpassung von Buchenpopulationen und Identifizierung von Genotypen und Herkünften mit gesteigerter Anpassung an bestimmte Umweltbedingungen.

Ergebnisse

- Insgesamt 463.352 SNPs identifiziert; finales SNP-Set nach Filterung: 13.493 SNPs.
- Geringe Populationsstruktur identifiziert (Abb. 3; die stärkste Differenzierung zeigten die südlichen Populationen (Schwäbische Alb).
- Insgesamt 38 SNPs identifiziert, die übereinstimmend mit unterschiedlichen Methoden signifikante Assoziationen zeigten und damit potenziell an der Umweltanpassung beteiligt sind.
- Identifizierung und Beprobung/Messung einer Versuchsserie, die auf zwei Standorten repliziert wurde (Krahl-Urban-Herkunftsversuch, Abb. 2).

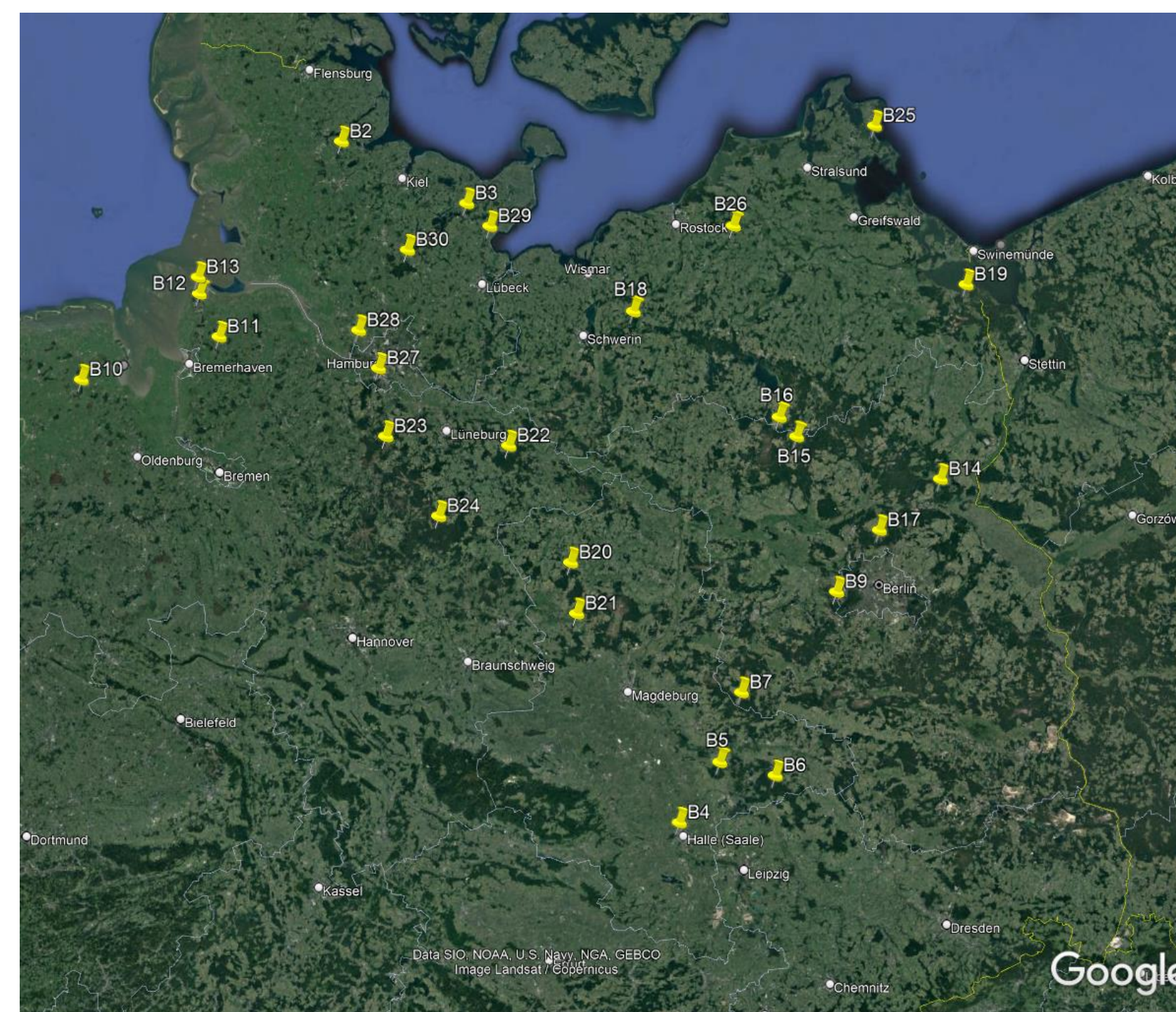


Abb. 1: Lage der 28 Buchenbestände entlang eines Niederschlagsgradienten, die gemeinsam mit dem Projekt „BEECHLIMITS“ analysiert wurden. Zusätzlich wurden Buchenbestände aus der Schwäbischen Alb, dem Hainich und der Schorfheide (Projekt Biodiversitäts-Exploratorien) in die SNP-Identifizierung einbezogen.

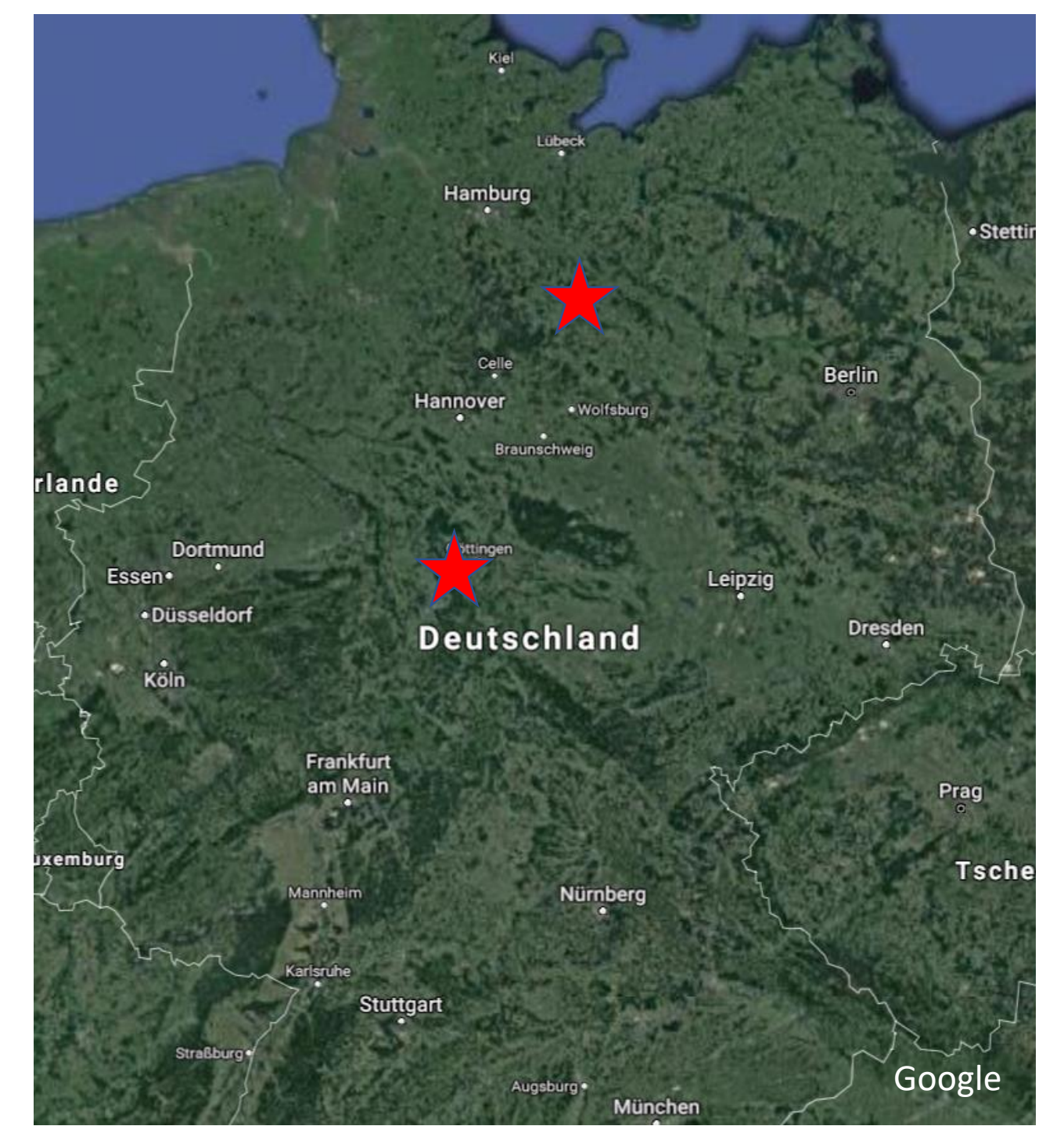


Abb. 2: Lage der Versuchsstandorte (Medingen und Bursfelde) des ausgewählten Herkunftsversuchs.

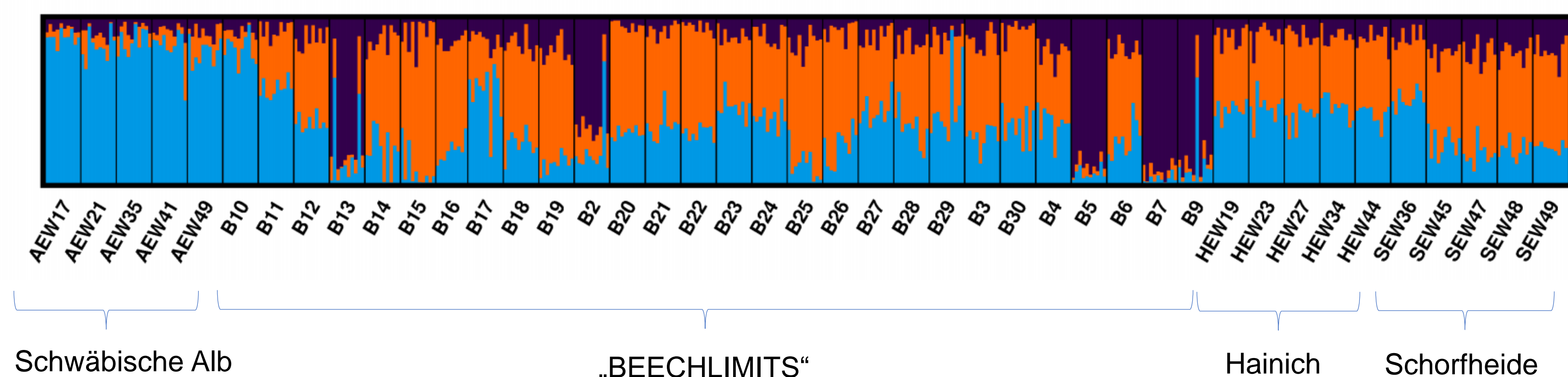


Abb. 3: Genetische Populationsstruktur der analysierten Bestände.

Schlussfolgerungen

- Identifizierung von SNPs, die potenziell an der Umweltanpassung beteiligt sind.
- Viele der signifikanten SNPs sind in intergenischen/intronischen Regionen lokalisiert. Sie könnten an der Genregulation beteiligt sein.
- Die Assoziationsanalysen weisen auf eine Relevanz von durchschnittlichen und extremeren/spezifischen Umweltbedingungen für die Anpassung der Buche hin.

Ausblick

Derzeit wird die Genotypisierung und weitere Analysen/Datenaufnahmen im Herkunftsversuch durchgeführt. 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.

Danksagung

Wir bedanken uns bei PD Dr. Ludger Leinemann, Dr. Bernhard Hosius und Robin Koebel für die Hilfe bei der Probenahme, bei Dr. Katharina Birgit Budde und Andrii Tarieiev für die Unterstützung bei der Datenanalyse und bei Alexandra Dolynska für die Hilfe bei der Laborarbeit. Das Projekt wurde durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) und das Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMU) repräsentiert durch die Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) im Rahmen des Waldklimafonds gefördert (Förderkennzeichen: 2218WK34A4).