

Themenschwerpunkt: Biodiversität in Wäldern vor dem Hintergrund des Klimawandels

Survivor-Oaks: Anpassungspotential von Eichen an biotischen und abiotischen Stress im Rahmen des Klimawandels

Hilke Schröder¹, Tetyana Nosenko², Malte Mader¹, Jörg-Peter Schnitzler², Birgit Kersten¹

¹Thünen-Institut für Forstgenetik, ²Helmholtzzentrum München; birgit.kersten@thuenen.de

Die Stieleiche (*Quercus robur*) zeigt ein vergleichsweise hohes Anpassungsvermögen an Umweltveränderungen und ist damit ein Hoffnungsträger in Zeiten verstärkten Klimawandels. Deshalb setzt sich das Projekt „Survivor-Oaks“ zum Ziel, für den Wald der Zukunft Klima-angepasste Stieleichen zur Verfügung zu stellen, die sich durch erhöhte Toleranz gegen Klimawandel-relevante biotische und abiotische Stressoren auszeichnen, wobei Herbivorie-, Pilz- und Trockentoleranz im Fokus stehen. Die Identifizierung toleranter Eichen als Plusbäume erfolgt, je nach Merkmal, basierend auf Phänotypisierungen und/oder Genotypisierungen, wofür zuvor geeignete genetische Marker entwickelt werden. Für die Phänotypisierungen wurde bisher der Bestand der „Common Garden“-Eichen aus sieben Klimazonen Deutschlands genutzt, welcher im WKF-Projekt Eichenabwehr etabliert wurde. Die Untersuchung der Mehltautoleranz dieser Eichen über mehrere Jahre führte zur Identifizierung von bisher 39 potentiell Mehltau-toleranten Eichen. In einem aktuellen Trockenstressversuch mit 578 der „Common Garden“-Eichen wurden diese phänotypisch und ökophysiologisch auf Trockentoleranz getestet, wobei über $d^{13}C/^{12}C$ Isotopendiskriminierung im Kohlenstoff der Blätter die intrinsische Wassernutzungseffizienz der Pflanzen ermittelt wurde. Außerdem sollen adaptive genetische Marker für Trockentoleranz in einer Genotyp-Umwelt-Assoziationsstudie etabliert werden. Zur Entwicklung genetischer Marker für Herbivorietoleranz erfolgte eine genomweite Assoziationsstudie mit 72 phänotypisierten Eichen, und es wird ein Modell zur Klassifizierung von S- und T-Eichen anhand ausgewählter assoziierter SNPs entwickelt. Diese Markerentwicklung wird durch die Identifizierung von Kandidatengenomen für Herbivorietoleranz in Transkriptomanalysen unterstützt, wobei aktuelle Ergebnisse aus der RNA-Seq nach Befraß der Eichen mit einem Generalisten mit Ergebnissen vorangegangener Projekte zur Herbivorie mit einem Spezialisten kombiniert werden. Mit den entwickelten genetischen Markern sollen dann auch in anderen Beständen Plusbäume identifiziert werden. Die gemeinsam aus allen Ansätzen ausgewählten Plusbäume werden dann in einer Samenplantage angebaut. Damit kann das Projekt nicht nur dazu beitragen, zukünftige waldbauliche Empfehlungen zu erarbeiten, sondern auch geeignetes Pflanzenmaterial für die Züchtung zur Verfügung zu stellen.