

Die Klimafit-Gene der Tanne

JONATHAN FEICHTER
JOHANNA REICH
PASCHALINA MATZIARLI
PROJEKTTEAM

Die Weißtanne gewinnt angesichts des Klimawandels an Bedeutung als wichtige Alternativbaumart zur Fichte in Österreichs Wäldern. Gleichzeitig müssen Herkunftsempfehlungen neu bewertet werden, da sich das Klima so rasch verändert, sodass lokale Bestände künftig nicht mehr die beste Wahl darstellen könnten. Hier bietet der genomische Werkzeugkasten neue Möglichkeiten, vorangepasste Provenienzen für zukünftiges Klima zu identifizieren.

Kurzinfo zum TannenGen-Projekt

- Projekt zielt auf die Entwicklung neuerer genomischer Ressourcen für die Weißtanne ab, welche genutzt werden können, um Züchtungsprogramme zu beschleunigen, die Herkunftswahl zu unterstützen, oder um Generhaltungsmaßnahmen zu setzen.
- Besonderes Augenmerk liegt auf der Identifikation von Genen, welche die klimatische Anpassung der Tanne steuern.

In der Humangenetik längst Alltag, galt die Anwendung in der Waldgenetik als Zukunftsmusik. Doch die DNA-Sequenzierung hat sich so weit entwickelt, dass wir sie nun mit vertretbarem Aufwand auch auf Waldbäume anwenden können. Ähnlich wie der polygenetische Risiko-Score die Anfälligkeit für bestimmte Erkrankungen beschreibt, können wir den genomischen Versatz von Baumpopulationen bestimmen. Dieser gibt an, wie gut ein Bestand mit den prognostizierten Klimaszenarien klar kommt, und beschreibt das Risiko einer Fehlanpassung anhand des genomischen Profils.

Erforschung von Genen für lokale Anpassungen und Mutationen

Dafür brauchen wir Wissen über Gene, die lokale Anpassungen steuern, sowie die technischen Voraussetzungen, um

Mutationen in diesen Genen in einer großen Anzahl von Populationen bestimmen zu können. Genau hier setzt das TannenGen-Projekt an: Erstmals sequenzierten Forscher:innen 20 Einzelbäume aus dem gesamten Verbreitungsgebiet vollständig (Abb. 1). Dies bildet eine wichtige Grundlage für die Entwicklung genomweiter Genmarker. Parallel dazu untersuchten sie in einem Herkunftsversuch, welche Gene die Ausprägung von Merkmalen steuern, die mit Dürre-resistenz zusammenhängen.

Herkunftsversuche bleiben wichtig für Genotyp-Phänotyp-Assoziationen, sind aber zeit- und kostenintensiv und testen nur wenige Provenienzen. Durch die Kombination mit genomischen Markern können wir die Erkenntnisse aus dem Herkunftsversuch nun auch auf neue Populationen übertragen, die wir kostengünstig im Hochdurchsatz sequenzieren.



Abb. 1: Wüchsig und höchst divers - Tannenbestände aus dem Südosten Europas.

Ergebnisse

Abb. 2 zeigt die Positionen von knapp 100 Populationen, die verwendet wurden, um die Beziehungen zwischen Genvarianten und relevanten Klimaparametern zu definieren. Die Färbung der Karte stellt den sogenannten Anpassungsindex dar. Dieser Index beschreibt die Zonierung der Klimaanpassungen und lässt unter anderem erkennen, dass Populationen aus Kalabrien und Kroatien, die sich bereits in Anbauversuchen in Österreich bewährt haben, ähnliche klimatische Anpassungen aufweisen.

Abb. 3 bewertet die im Herkunftsversuch getesteten Provenienzen und zeigt einen klaren Trend hinsichtlich der Eignung als Saatgutquelle von West nach Ost. Die berücksichtigten Indikatoren umfassen:

- die neutrale genetische Diversität, abgeleitet aus Ganzgenomsequenzen, die Rückschlüsse auf mögliche Flaschenhalseffekte in der Vergangenheit erlaubt.
- die adaptive Diversität, die als Maß für die Anpassungskapazität dient.
- die Häufigkeit von vorteilhaften Genvarianten in einer Population, die mit trockenresistenten Merkmalen assoziiert sind.
- die Wüchsigkeit im Herkunftsversuch, gemessen als Brusthöhendurchmesser im Alter von 40 Jahren.
- die phänotypische Trockenanpassung, die anpassungsrelevante Merkmale von Nadel- und Jahrringproben in einem Index kombiniert.

In diesem Vergleich schnitten Herkünfte aus Südosteuropa und Kalabrien am besten ab, während die Pyrenäen-Herkunft das Schlusslicht bildete. Die Ergebnisse zeigten, dass die adaptive Diversität entlang der von uns identifizierten Kandidatengene einen wichtigen Faktor für die Wüchsigkeit unter harschen Umweltbedingungen darstellt ($R^2 = 0.49$, $p = 0.02$). Eine vollständige Auflistung der genomischen Indikatoren aller untersuchten Populationen wird im Endbericht des Projekts veröffentlicht und kann künftig bei der Auswahl klimafitter Herkünfte von Nutzen sein.

Projektteam:

DI Jonathan Feichter, Johanna Reich, Paschalina Matzarli, Ing. Fatima Al-Awadi, Yuliia Bilonozhko, Jasmin Jaganjac, Dr. Agathe Hurel, Dr. Berthold Heinze (BFW)

Beraterteam:

Charalambos Neophytou, Michael Grabner, Christian Stauffer (BOKU)
Besonderer Dank gilt den vielen großartigen Kollegen und Kolleginnen, die dieses Projekt durch die Bereitstellung von Proben, Daten, Bewilligungen und vieles mehr unterstützt haben: Randolph Schirmer & Barbara Fussi (AWG), Felix Gugerli & Christian Rellstab (WSL), Caroline Scotti-Saintagne & Ivan Scotti (INRAe), Marjana Westergren (SFI), Andrea Piotti & Camilla Avanzi (CNR), Dušan Gömöry (TUZVO), Dragos Postolache & Flaviu Popescu (INCDS), Petar Zhelev (LTU), Ina Aneva (BAS).

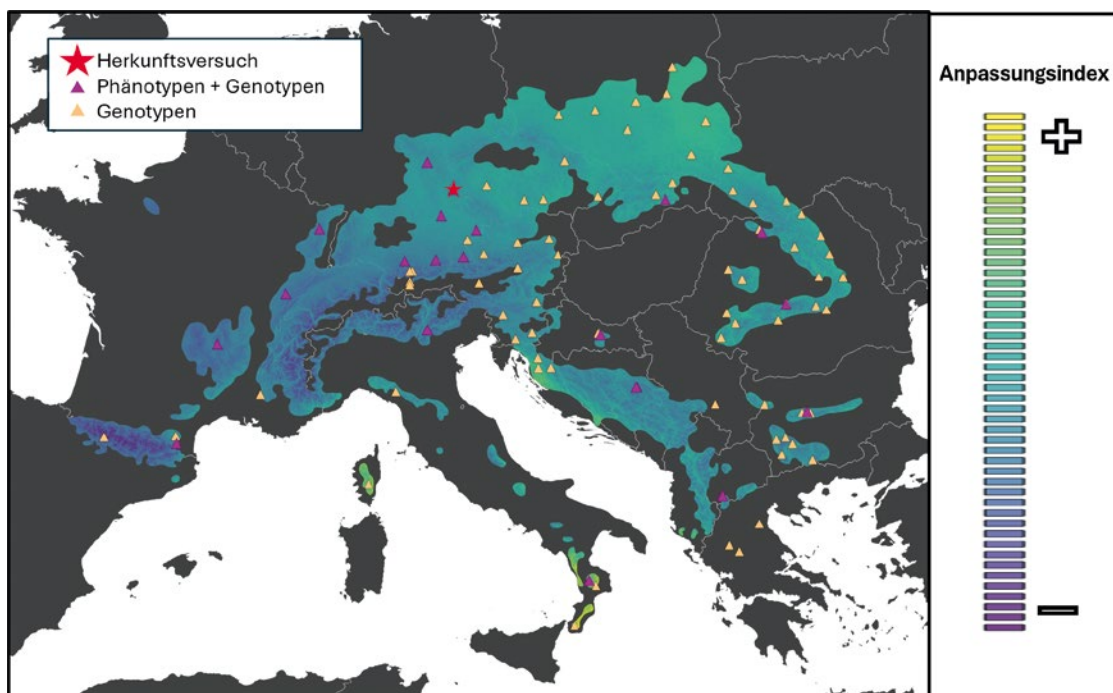


Abb. 2: Das Verbreitungsgebiet der Weißtanne umfasst verschiedene adaptive Zonen. Violette Dreiecke markieren Saatgutquellen, die im Herkunftsversuch bei Tännesberg (Bayern) getestet wurden. Gelbe Dreiecke markieren autochthone Populationen, die lediglich genotypisiert wurden.

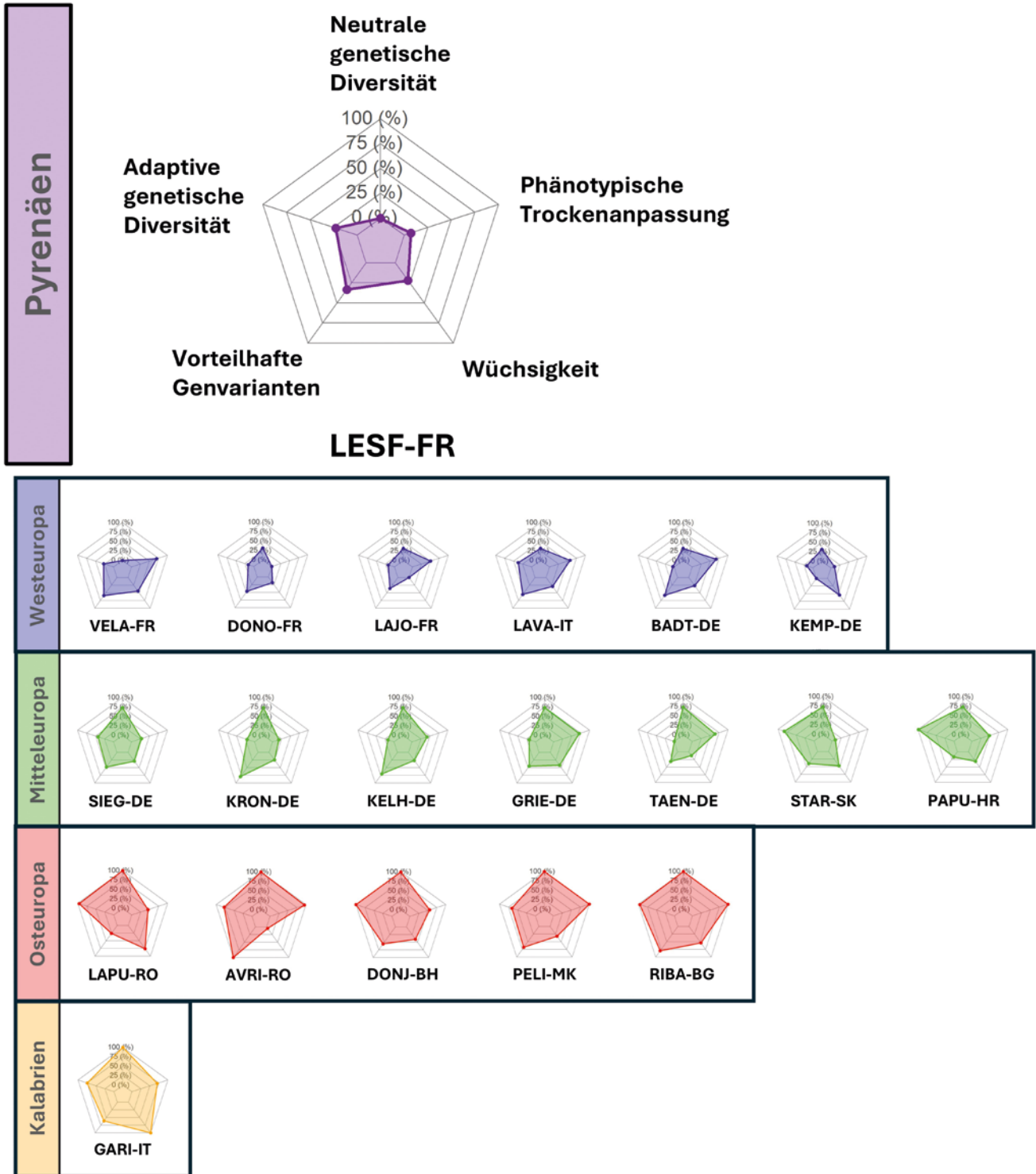


Abb. 3: Die Bewertung der getesteten Provenienzen erfolgte anhand genomischer und phänotypischer Indikatoren und wurde nach Genpools geordnet.