

BAND 151 | HEFT 04 - 06 2021

BFW 17686



6861514

SENCKENBERG
natur • forschung • museum

DAS SENCKENBERG-WISSENSCHAFTSMAGAZIN
BAND 151 | HEFT 04 - 06 2021



GENETISCHE VIELFALT ERFORSCHEN

FORSCHUNG

LOEWE-TBG ZIEHT
ZWISCHENBILANZ

GENETISCHE INVENTUREN
IM MEER

ERBGUTVERGLEICHE
MIT FRÜHMENSCHEN



Benachbarte Buchen in Kelkheim-Eppenhain, von denen Blattproben für die genomische Untersuchung genommen wurden. Links ein stark dürrebeschädigtes Exemplar, rechts ein offenbar völlig gesundes. Die Bäume stehen kaum zehn Meter voneinander entfernt und gleichen sich in allen Eigenschaften, wie Dimensionen, Stellung zu den Nachbarbäumen etc.

WIE GENOMIK DIE BUCHENWÄLDER RETTEN KANN

Genetische Marker zeigen an, welche Bäume dürretolerant sind

von Markus Pfenninger

Unseren Wälder leiden unter Trockenheit. Langfristig wird sich die Natur darauf einstellen, denn zur Evolution von Arten gehört auch, dass ein Teil einer Population mit den neuen Rahmenbedingungen zurechtkommt. Das gilt auch für Buchen. Die Arbeitsgruppe Molekulare Ökologie am Senckenberg BiK-F hat nun ein Verfahren entwickelt, um solche trockenstresstoleranten Buchen mithilfe von DNA-Analysen zu identifizieren.

Der Klimawandel hat schon jetzt gravierende Auswirkungen auf viele Ökosysteme, auch auf unsere Wälder. Wie können wir die Folgen dieser Entwicklung abmildern und welche Rolle kann dabei die Biodiversitätsgenomik spielen? Unser Team für Molekulare Ökologie hat exemplarisch für einen der am weitesten verbreiteten Waldbäume Europas, die Rotbuche (*Fagus sylvatica* L.), gezeigt (Waldvogel et al. 2020), wie es gehen könnte.

Bedeutende Rolle als Ökosystem und Wirtschaftsfaktor

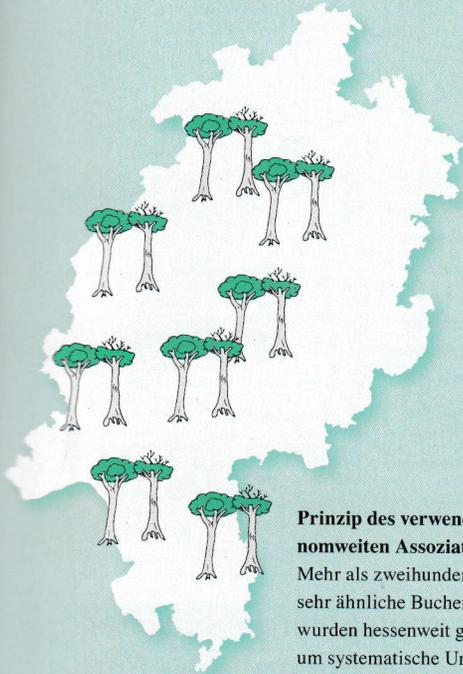
Buchenwälder sind in weiten Teilen Europas verbreitet. Sie sind an viele Standorte gut angepasst und spielen forstwirtschaftlich eine immer bedeutendere Rolle – als Rückgrat einer naturnahen Waldwirtschaft. Auch als Lebensraum bieten sie über über 6000 Arten Quartier (Dorow et al. 2010). Die deutsche Buchenholzwirtschaft erbrachte 2017 in Deutschland einen Umsatz von mehr als einer Milliarde Euro – Ökosystemleistungen des Waldes dabei unberücksichtigt. Allerdings litt die Buche stark unter den Dürresommern 2018 und 2019. Berichte zufolge erlitten über 62 Prozent Dürreschäden, zwölf Prozent der Buchen in Deutschland trugen sogar starke Schäden davon oder starben ab.

Gesunde neben gestressten Bäumen

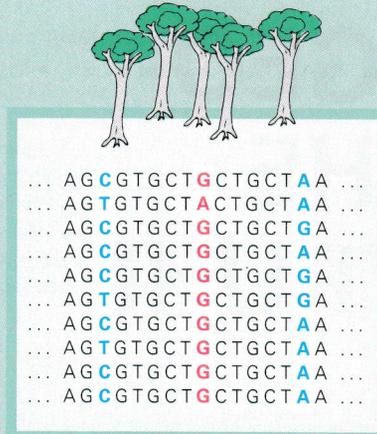
Allerdings waren in den einzelnen Beständen nicht alle Bäume gleichermaßen geschädigt. In vielen Buchenwäldern beobachteten wir, dass scheinbar völlig gesunde Bäume unmittelbar neben stark geschädigten standen (s. Abb. o.). Dieses Muster trat gleichermaßen an stark und schwach geschädigten Standorten auf. Wir vermuteten daher, dass nicht die lokalen Umweltbedingungen für die beobachteten Dürreschäden entscheidend waren (die ja für beide gleich waren), sondern eine unterschiedliche genetische Ausstattung der Bäume.

SNPs geben Aufschluss

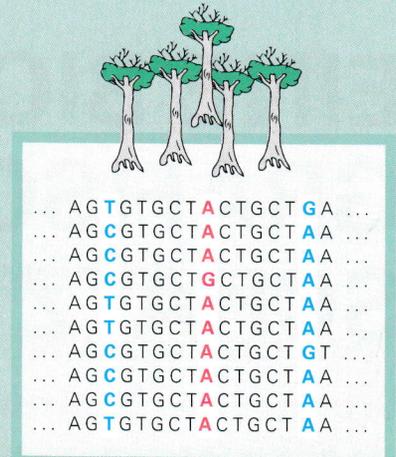
Wir nutzten dann diese natürliche „Versuchsanordnung“, um die genomischen Grundlagen der Trockenheitsanfälligkeit bei *Fagus sylvatica* zu ergründen. Dazu unter-



Prinzip des verwendeten genomweiten Assoziationstests. Mehr als zweihundert jeweils sehr ähnliche Buchenpaare wurden hessenweit gesammelt, um systematische Unterschiede, die nichts mit der Dürretoleranz zu tun haben, auszuschließen.



Wir verglichen die ganzen Genome der gesunden (links) und geschädigten Bäume (rechts) miteinander, um systematische Unterschiede zu finden. In Rot ist ein solcher systematischer Unterschied an einem Genort dargestellt. Die blau gekennzeichneten Stellen sind zwar variabel, die Varianten lassen sich aber nicht statistisch den Phänotypen geschädigt/gesund zuordnen.



suchten wir bei mehr als 200 benachbarten Paaren aus ganz Hessen, welche Orte im Genom sich systematisch zwischen gesunden und geschädigten Bäumen unterscheiden (s. Schaubild). Wir fanden über 100 Orte – sogenannte SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) –, die mit der Dürretoleranz korrelierten. Kategorische Unterschiede fanden wir jedoch nicht. Dies deutet darauf hin, dass viele Gene daran beteiligt sind und es reichlich Anpassungspotenzial bei der Buche gibt.

Dürretolerante Bäume werden erkannt

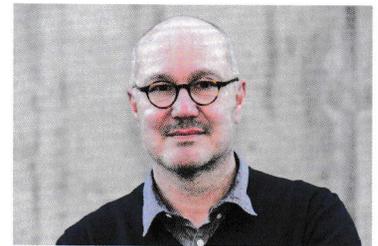
In einer Kontrollgruppe reichten schon 70 dieser SNPs aus, um vorherzusagen, ob eine Buche gesund oder geschädigt war. Mit diesen Markern konstruierten wir einen Test, mithilfe dessen sich schnell und kostengünstig Buchen identifizieren lassen, die besser mit häufigeren und längeren Trockenperioden umgehen können. Nun können Forstleute zum Beispiel gezielt trockenheitsresistente, samenbildende

Bäume auswählen und über die Art der Waldbewirtschaftung dazu beitragen, die natürliche Selektion zu beschleunigen, ja sogar zu überwachen und damit die Buchenwälder gegen den Klimawandel zu rüsten (Waldvogel et al. 2020).

Buche in Mitteleuropa erhalten

Mit unserer Studie haben wir die wissenschaftlichen Grundlagen für ein aktives Evolutionsmanagement gelegt und validiert. In einem weiteren Schritt gilt es, diese Erkenntnisse in praktische Programme umzusetzen, zum Beispiel bei der Überwachung natürlicher Wälder sowie selektiven Abholzungs- und Wiederaufforstungsmaßnahmen. Unsere Arbeit trägt somit dazu bei, ein einzigartiges Ökosystem zu erhalten, das derzeit nicht nur durch den Klimawandel, sondern auch durch Versuche, die Buche als Forstbaum durch die Einführung fremder, scheinbar besser angepasster Baumarten zu ersetzen, bedroht ist. 📌

DER AUTOR



Prof. Dr. Markus Pfenninger leitet am SBiK-F die Arbeitsgruppe „Molekulare Ökologie“. Sein wissenschaftliches Interesse gilt unter anderem Mechanismen und Möglichkeiten sehr schneller evolutionärer Anpassung im Zusammenhang mit dem Klimawandel. Als habilitierter Zoologe forscht er normalerweise an Tieren. Da er aber ursprünglich Botanik studiert hat, ist dieses Projekt auch eine Rückkehr zu seinen akademischen Wurzeln.

Kontakt: Prof. Dr. Markus Pfenninger, Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum & LOEWE-Zentrum für Translationale Biodiversitätsgenomik, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt a. M., markus.pfenninger@senckenberg.de

Literatur

- Dorow, W. H., Blick, T. & Kopelke, J. P. (2010): Zoologische Forschung in hessischen Naturwaldreservaten – Exemplarische Ergebnisse und Perspektiven. – Forstarchiv 81 (2): 61–68.
- Pfenninger, M., Reuss, F., Kiebler, A., Schönnenbeck, P., Caliendo, C., Gerber, S., ... & Feldmeyer, B. (2020). Genomic basis of drought resistance in *Fagus sylvatica*. – bioRxiv. DOI:10.1101/2020.12.04.411264
- Waldvogel, A. M., Feldmeyer, B., Rolshausen, G., Exposito-Alonso, M., Rellstab, ... & Pfenninger, M. (2020): Evolutionary genomics can improve prediction of species' responses to climate change. – Evolution Letters 4 (1): 4–18.