

Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen

7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 105

Bibliografische Information:
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikationen in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet unter www.dnb.de abrufbar.

Bibliographic information:
The Deutsche Nationalbibliothek (German National Library) lists this publication in the German National Bibliography; detailed bibliographic data is available on the Internet at www.dnb.de

Bereits in dieser Reihe erschienene Bände finden Sie im Internet unter www.thuenen.de

Volumes already published in this series are available on the Internet at www.thuenen.de

Zitationsvorschlag – Suggested source citation:

Liesebach M (ed.) (2023) Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen : 7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzenzüchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg : Tagungsband. Braunschweig: Johann Heinrich von Thünen-Institut, 318 p, Thünen Rep 105, DOI:10.3220/REP1681451577000

Die Verantwortung für die Inhalte liegt bei den jeweiligen Verfassern bzw. Verfasserinnen.

The respective authors are responsible for the content of their publications.



THÜNEN

Thünen Report 105

Herausgeber/Redaktionsanschrift – Editor/address

Johann Heinrich von Thünen-Institut
Bundesallee 50
38116 Braunschweig
Germany

thuenen-report@thuenen.de
www.thuenen.de

ISSN 2196-2324

ISBN 978-3-86576-265-8

DOI:10.3220/REP1681451577000

urn:nbn:de:gbv:253-202304-dn066221-6

Beiträge von Forstpflanzenzüchtung und Forstgenetik für den Wald von Morgen

7. Tagung der Sektion Forstgenetik/Forstpflanzen-
züchtung vom 12. bis 14. September 2022 in Ahrensburg

Tagungsband

Mirko Liesebach (ed.)

Thünen Report 105

Mirko Liesebach (ed.)
Thünen-Institut für Forstgenetik
Sieker Landstr. 2
22927 Großhansdorf
Tel.: +49 4102 696156
E-Mail: mirko.liesebach@thuenen.de

Thünen Report 105

Braunschweig/Germany, April 2023

Steigerung der Trockenstresstoleranz in Bäumen durch genetische Modifikationen

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN

Der Klimawandel und die daraus resultierenden Veränderungen des weltweiten Klimas stellen insbesondere die gemäßigten Klimate der Erde vor eine große zukünftige Herausforderung. Im Speziellen werden Pflanzen, die durch ihre (größtenteils) sessile Lebensweise über ihren gesamten Lebenszeitraum an die Umwelt eines Ortes gebunden sind, mit in der jungen Vergangenheit ungewohnten klimatischen Bedingungen konfrontiert. Nach Hochrechnungen des Umweltbundesamtes umfassen diese auf Deutschland gesehen innerhalb des 21. Jahrhunderts besonders verstärkte Extremwetterereignisse und eine Abnahme der sommermonatlichen Wasserverfügbarkeit (UBA 2021). Infolgedessen entstehende Defizite bei der pflanzlichen Wasserversorgung können sich zu Trockenstress formieren, welcher sich durch reduzierte pflanzliche Lebens- und Wachstumsfunktionen abzeichnet. Neben sinkenden Erträgen in der deutschen Landwirtschaft, wie im Extremsommerjahr 2018, zeigen sich gleichgewichtige Auswirkungen bei Waldbäumen (BMEL 2019). Bereits 2021 wiesen im Mittel 79% der deutschen Waldbäume Kronenverlichtungen auf (BMEL 2022). Bei der Betrachtung einzelner Baumarten sind besonders Rotbuchen (*Fagus sylvatica*) zu 84% von Kronenverlichtungen betroffen. Dennoch sind Bäume nicht *per se* trockenstresssensitiv, sondern weltweit können sogar Anpassungen an (trockene) Extremstandorte beobachtet werden. Beispielhaft sind hierfür die Euphrat-Pappel (*Populus euphratica*) oder die Schirmakazie (*Acacia tortilis subsp. raddiana*) zu nennen.

Die Pflanzenzüchtung hat sich bereits in der Vergangenheit als effektives Mittel zur Anpassung an Umweltbedingungen bewiesen. Einjährige Pflanzen können in einem überschaubaren Zeitrahmen von fünf bis 15 Jahren über mehrere Zyklen gekreuzt bzw. rückgekreuzt werden, um so die Introgression von Genvarianten aus an Umweltbedingungen angepassten Wildtypen in bestehende Kultivare zu erreichen und deren Anpassungsfähigkeit zu steigern. Beispielhaft ist die Züchtung einer trockenstresstoleranteren deutschen Kulturgerste (SHRESTHA et al. 2022). In der Forstpflanzenzüchtung ist diese Art der gerichteten Introgression von Genen durch die lange Zeitspanne von Bäumen bis zur Fruktifikation erschwert. Vielmehr werden für die Bereitstellung von Klimawandel-angepasstem Forstvermehrungsgut überlegene Individuen phänotypisch selektiert und vermehrt. Für eine zielgenauere Auswahl von zum Beispiel an Trockenstress-angepasstem Vermehrungsgut kann auf molekulare Marker zurückgegriffen werden, die Einblicke in die genetische Ausstattung von Bäumen geben. Erkenntnisse der Pflanzenforschung zeigen, dass besonders das Zusammenspiel und die Expressionsmuster bestimmter Gen-Familien zu einer Trockenstresstoleranz beitragen (SHINOZAKI und YAMAGUCHI-SHINOZAKI 2007).

Damit Marker für bestimmte Eigenschaften erstellt werden können, sind Kenntnisse über die zugrundeliegenden Gene und deren Funktionen unabdingbar. In der reversen Genetik werden dafür neben klassischen biotechnologischen Methoden wie konstitutiven Überexpressionen auch neue biotechnologische Methoden angewandt, um phänotypische Merkmale mit dem bestimmenden Genotyp zu verknüpfen. Die Ergebnisse erlauben Rückschlüsse auf die Funktionen einzelner Gene bzw. Genvarianten. Mit Hilfe von Genomedierungen, wie beispielsweise durch CRISPR/Cas, können gezielt Gene einer Pflanze ausgeschaltet und daraus resultierende Veränderungen des Phänotyps ermittelt werden. Solche Erkenntnisse können zur Entschlüsselung pflanzlicher Trockenstresstoleranzen beitragen.

Um die genetischen Zusammenhänge bestimmter Merkmale in Bäumen untersuchen zu können, hat sich für biotechnologische Ansätze die Modell-Gattung *Populus* etabliert. Aspenhybriden wie die Graupappel (*Populus ×canescens*) sind aufgrund ihrer unkomplizierten *in vitro*-Kultivierung und genetischen Transformationen besonders gut geeignet. Sie dienen als Modellorganismus für die Erforschung der an Trockenstresstoleranz beteiligten Genorte im BMEL-geförderten Forschungsprojekt „TreeEdit“. Mittels gezielten CRISPR/Cas-vermittelten Knockouts sowie konstitutiven Überexpressionen anpassungsrelevanter Gene sollen die Gene identifiziert werden, die an einer Trockenstresstoleranz beteiligt sein können.

Die Trockenstresstoleranz in Pflanzen ist ein komplexes Merkmal, an dem viele Gene, insbesondere Transkriptionsfaktor-kodierende Gene, beteiligt sind (JOSHI et al. 2016). Die Auswahl der in der Graupappel zu modifizierenden Gene (Kandidatengene) erfolgte auf der Grundlage bereits publizierter Erkenntnisse aus der Forschung an einjährigen Pflanzen, wie der Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) oder Reis (*Oryza sativa*). In diesen Studien wurde der Einfluss bestimmter Gene auf die Trockenstresstoleranz nachgewiesen. Für das Projekt „TreeEdit“ wurden homologe Kandidatengene in der Graupappel identifiziert. Hierbei wird aufgrund der Sequenzhomologien zu den Genen der einjährigen Pflanzen eine vergleichbare Genfunktion mit einem Einfluss auf eine Trockenstresstoleranz angenommen.

Mögliche Veränderungen der Trockenstresstoleranz an modifizierten Pappeln werden unter kontrollierten Trockenstressexperimenten im Gewächshaus untersucht. Da Trockenstress in Pflanzen bereits vor sichtbaren Veränderungen am Phänotyp beginnen kann, werden für die Analysen neben klassischen nicht-invasiven Phänotypisierungsmethoden wie der Überprüfung des Wachstums (Höhen- und Dickenwachstum) auch zellinterne Parameter durch Messungen des Flavonol- und Chlorophyll-Gehalts in Blättern bestimmt. Darüber hinaus werden invasive Phänotypisierungsmethoden durchgeführt, durch die Trockenstress-korrelierende Zellinhaltsstoffe quantifiziert werden können, darunter die etablierten Biomarker Prolin, Malondialdehyd und Wasserstoffperoxid. In ihrer Gesamtheit erlauben genannte Parameter eine Aussage über den Stresszustand der Versuchsbäume. Jegliche Veränderungen können dann mit nicht-modifizierten Kontrollbäumen in Relation gesetzt und sich ergebende Unterschiede auf die modifizierten Gene und deren Funktion zurückgeführt werden.

Das Wissen zur genetischen Grundlage von Trockenstresstoleranzen soll in zukünftigen Arbeiten auf wichtige deutsche Baumarten wie die Rotbuche (*Fagus sylvatica*) übertragen werden. Mit Hilfe von Trockenstress-assoziierten molekularen Markern können Buchenpopulationen im gesamten natürlichen Verbreitungsgebiet der Buche untersucht und mögliche trockenstresstolerante Individuen identifiziert werden. Damit unterstützt das Forschungsvorhaben „TreeEdit“ die zukünftige Selektion trockenstresstoleranter Buchen.

Referenzen

- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2019): Besondere Ernte- und Qualitätsermittlung (BEE) 2018. <https://www.bmel-statistik.de/fileadmin/daten/EQB-1002000-2018.pdf>
- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (Hrsg.) (2022): Ergebnisse der Waldzustandserhebung 2021. <https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/Broschueren/ergebnisse-waldzustandserhebung-2021.pdf>
- JOSHI R, WANI SH, SINGH B, BOHRA A, DAR ZA, LONE AA, PAREEK A, SINGLA-PAREEK AL (2016:) Transcription Factors and Plants Response to Drought Stress: Current Understanding and Future Directions. *Frontiers in plant science*, 7:1029. doi:10.3389/fpls.2016.01029
- SHINOZAKI K, YAMAGUCHI-SHINOZAKI K (2007) Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of experimental botany* 58: 221-227. doi:10.1093/jxb/erl164
- SHRESTHA A, FENDEL A, NGUYEN TH, ADEBABAY A, KULLIK AS, BENNDORF J, LÉON J, NAZ AA (2022): Natural diversity uncovers P5CS1 regulation and its role in drought stress tolerance and yield sustainability in barley. *Plant, Cell & Environment* 45: 3523-3536. doi:10.1111/pce.14445
- UBA [Umweltbundesamt] (Hrsg.) (2021) Klimawirkungs- und Risikoanalyse 2021 für Deutschland Teilbericht 1: Grundlagen. https://www.umweltbundesamt.de/sites/default/files/medien/479/publikationen/kwra2021_teilbericht_1_grundlagen_bf_211027_0.pdf

Autoren

ALEXANDER FENDEL, MATTHIAS FLADUNG, TOBIAS BRÜGMANN
Thünen-Institut für Forstgenetik, Sieker Landstraße 2, 22927 Großhansdorf
Kontakt: alexander.fendel@thuenen.de