

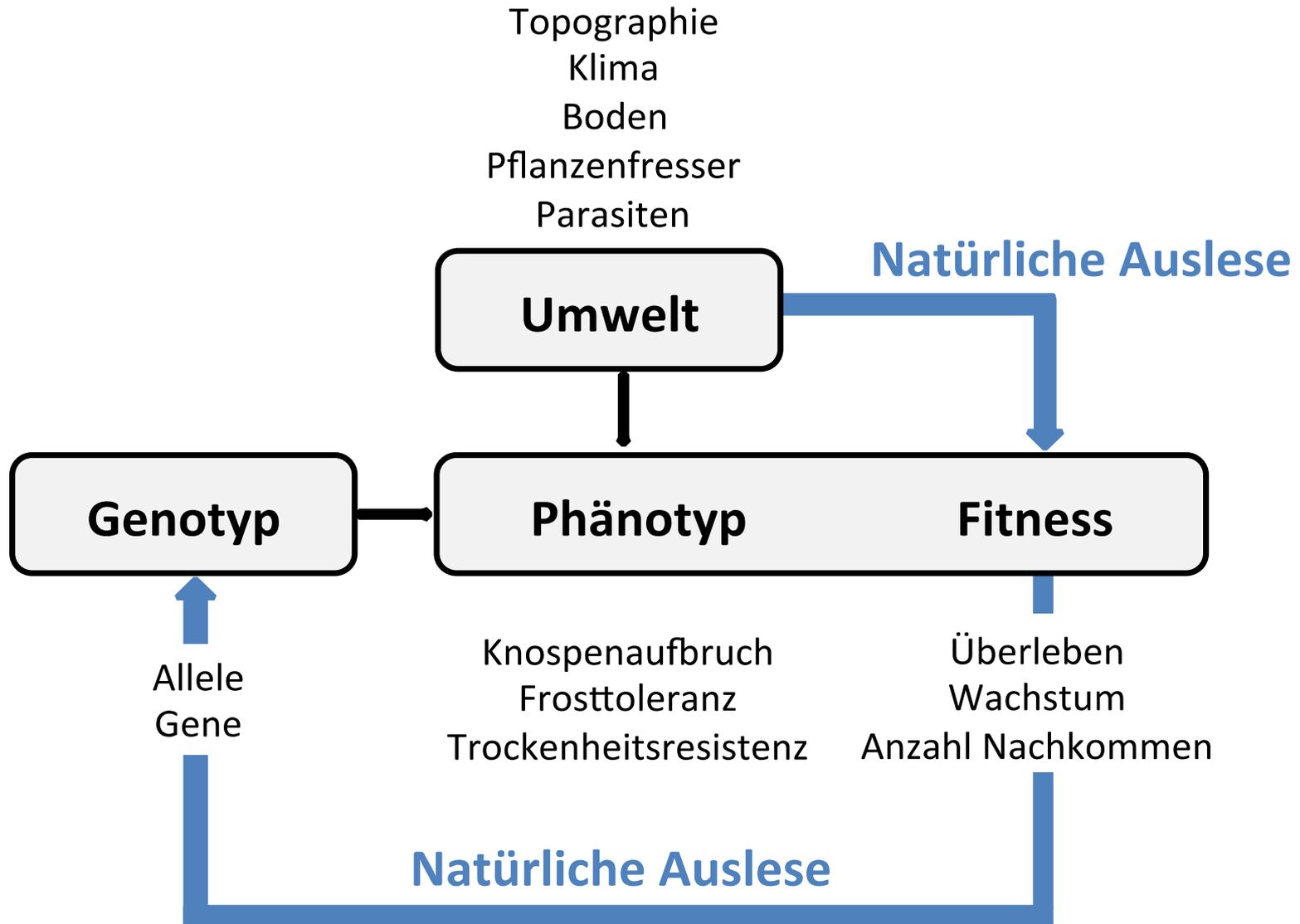
Genetische Prozesse hinter der lokalen Anpassung

AATGTTAQUERCUSTCAAGCCACTCCCTTGCTTCCTCCACCCTTGCCCAAAGCATGAATCT
TGAGTTAAACTTGCAAGCTTGCTCCTCTTATTATTTTCATCCACACTTACCQUERCUSTTTC
TCTCTCTCCACCACCTATCAAAAATCTCATAQUERCUSCTCCTCTCCCTTCCATGCTTCAA
GTAATGGCCCTTGACATGATGCATCCCTGTCCGATAGTATTCTGCAATGTCCAATGGCTCAA
CCAGGAGTTTATAGAACTGTGAAGTATTGACCCATTTTGGQUERCUSATTA AAAATCATAAGGC
AGTTCATTGTTAQUERCUSTCYARCATTTTGGATGACATTATTCCAGAAAGCAGCAAGCTTGT
GCCGGTTCAAGTTAACTTTAGAGCCCTTTTTTTGAATTATCCCTTAGCTTGNAACAATCATAG
TACCCCATGTGGTCATCAGACTCATCQUERCUSGCTTTATACCATTCTATCTGAGCTCTGTA
GGGATTAATTTTCGCTAAGCTAACAGCCAGCTTGGCAGAATGTTATCAAGCCACTCCCTTGC
TTCTCCTCCACCCTTGCCCAAAGCATGAATCTTGAGTTAAACTTGCAAGCTTGCTCCTCTTAT
TATTTTCATCCACACTTACCTTTCTCTCTCTCCACCACCTATCAAAAATCTCAQUERCUSTA
CCTCCTCTCCCTTCCATGCTTCAAGTAATGGCCCTTGACATQUERCUSTCCCTGTCCGATAG
TATTCTGCAATGTCCQUERCUSAATGGCTCAACCAGGAGTTTATAGAACTGTGAAGTATTGA
CCCATTTTGGCTCGCCTATTAAAATCATAAGGCAGTTCATTGTTATCYARCATTTTGGATGACA
TTATTCCAGAAAGCAGCAAGCTTGTGCCGGTTCAAGTTAACTTTAGAGCCCTTTTTTTGAATT

Christian Rellstab & Felix Gugerli / WSL
Birmensdorf



Umwelt-Genetik-Phänotyp

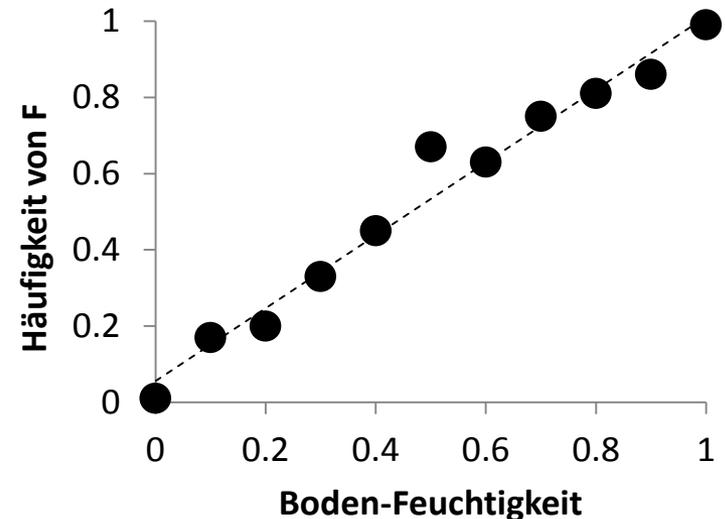
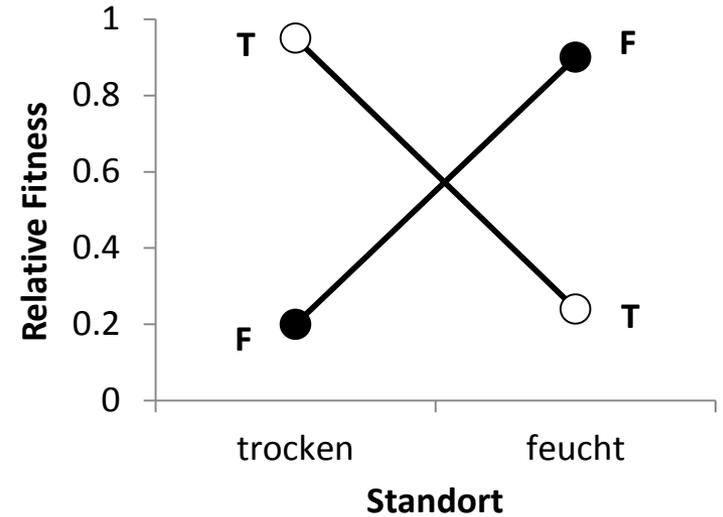


Reaktion auf Umweltveränderungen

- Phänotypische Plastizität
 - Änderung der Physiologie und Phänologie
- Migration durch Samen
 - Eichen: 500-1000 m/Jahr
- Ausbreitung durch Pollen
 - Kreuzen mit anderen Beständen/Arten
- Lokale Anpassung
 - Genetischer Prozess, durch natürliche Auslese
- Lokales Aussterben

Lokale Anpassung

- Natürliche Auslese von fitten Bäumen
- Fitness ist genetisch gesteuert
- Anpassung benötigt genetische Diversität
- Anpassung führt zu reduzierter genetischer Diversität innerhalb Beständen

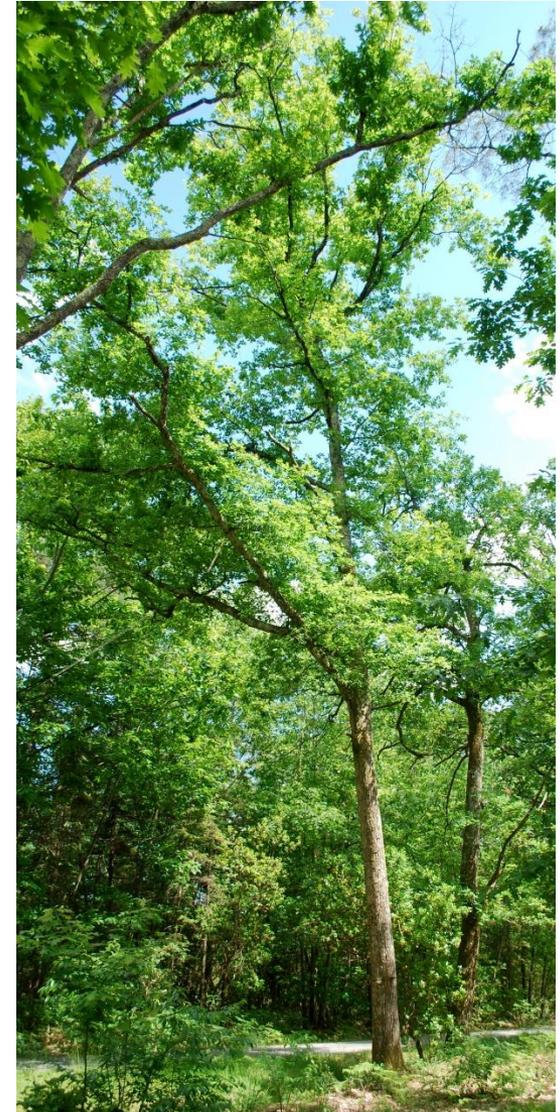


Lokale Anpassung

- Hinterlässt Spuren im Genom
- Nur ein kleiner Teil des Genoms ist von natürlicher Auslese beeinflusst
 - > **anpassungsrelevante genetische Diversität**
- Grosser Teil des Genoms ist nicht betroffen
 - > **neutrale genetische Diversität**
- Ist Anpassung messbar?
 - Angepasstheit: experimentell (Fitness)
 - Anpassungspotential: genetische Analysen

Genetische Grundlagen bei Eichen

- Chloroplasten-Sequenzen
 - Nacheiszeitliche Rückwanderung
- Mikrosatelliten
 - Genfluss
- Gen-Sequenzen
 - Funktionelle Zuordnung
 - Identifikation von SNPs
- SNPs
 - Genfluss
 - Lokale Anpassung
- Referenz-Genom der Stieleiche
(Plomion et al. 2015)



SNPs – Single nucleotide polymorphisms

TTACACTGTTTAAGTTGGTTAGGTCGGCTTGTCCGGTCTAGCTAGCT
TTACACTGTTTAAGTTGGTTAGGTCGGCTTGTCCGGTCTAGCTAGCT
TTACACTGTTTAAGTTGGTTAGGTCGGCTTGTCCGGTCTAGCTAGCT
TTACACTGTTTAAGTTGGTTAGTTCGGCTTGTCCGATCTAGCTAGCT
TTACACTGTTTAAGTTAGTTAGGTCGGCTTGTCCGGTCTAGCTAGCT

- Einzelne Basenpaarunterschiede im Genom
- Basen kodieren die Aminosäuren
-> Proteine -> Phänotyp -> Fitness
- Meist mit 2 Varianten (=Allele)
- Mehrheit der SNPs ist neutral

NGS – Next-generation sequencing

- Beispiel: Illumina HiSeq 2500
- Ein Durchgang:
1000 Milliarden Basen = 670 Eichengenome
- Laufzeit: 6 Tage
- 20'000-30'000 SFr
- Referenzgenome:
Pappel, Eiche, Fichte,
Weihrauchkiefer, ...

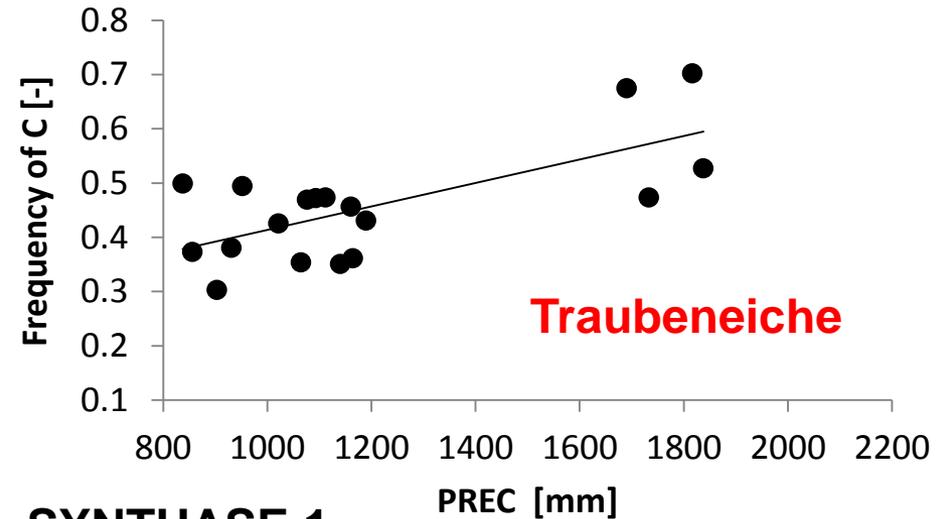


Möglichkeiten der Genomik

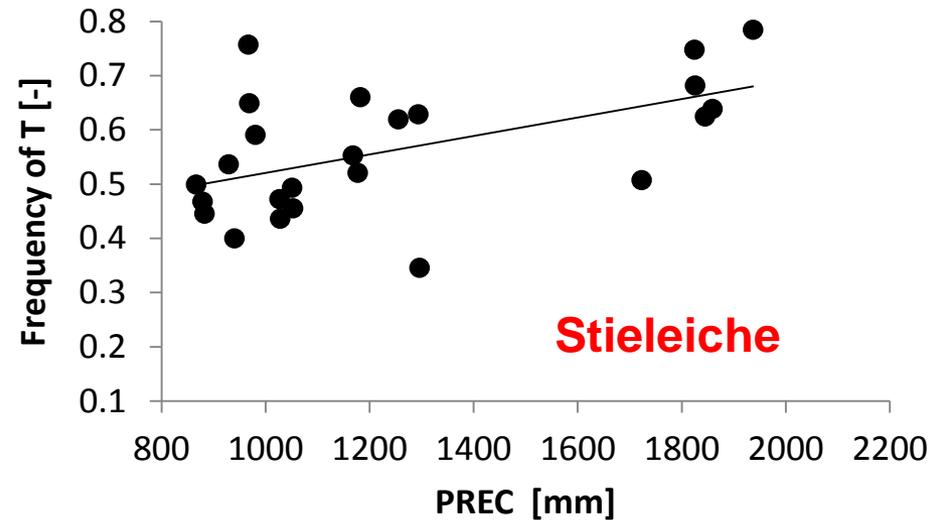
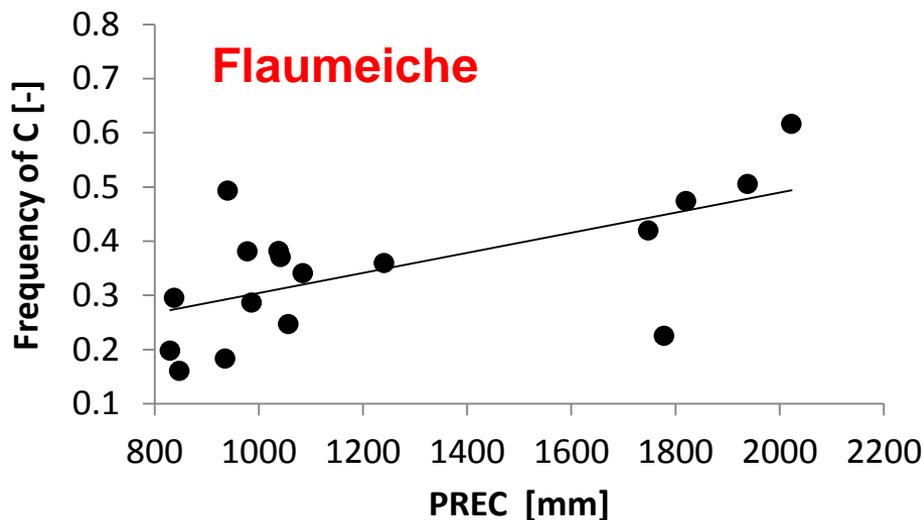


Möglichkeiten der Genomik

Welche Gene sind
bei der lokalen
Anpassung
involviert?



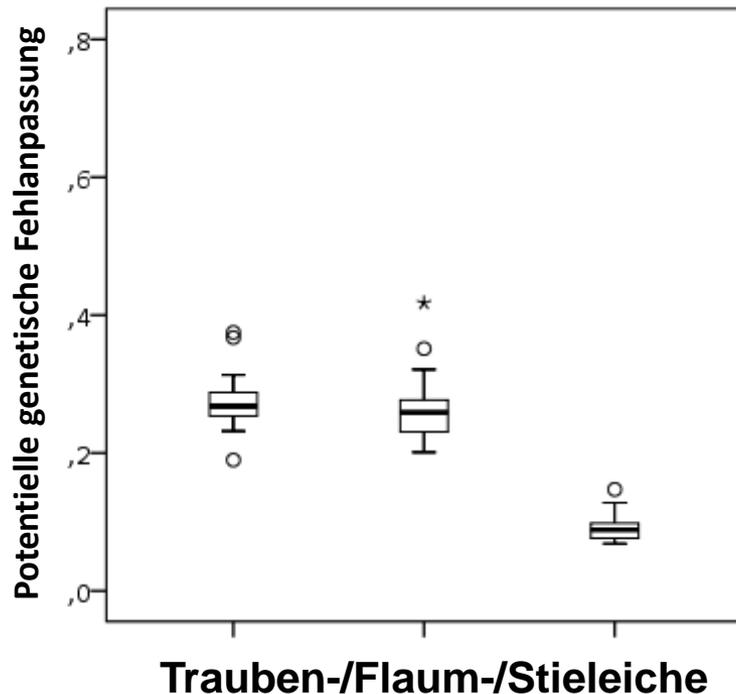
Gen: GALACTINOL SYNTHASE 1



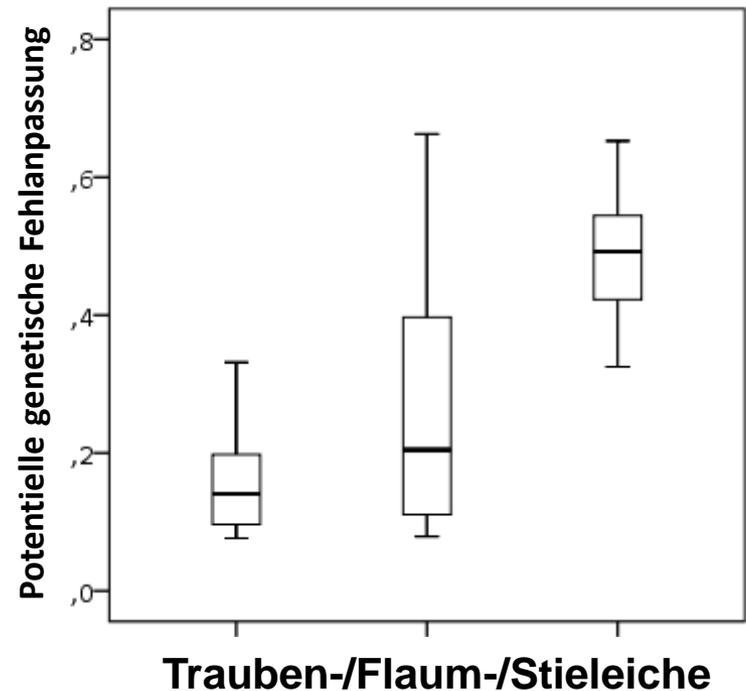
Möglichkeiten der Genomik

Wie gross ist die potentielle genetische Fehlanpassung der Bestände an ihre zukünftigen Bedingungen?

**Mittlere Jahrestemperatur
+4.2°C**



**Standortswasserbilanz
-311.4 mm**



Waldbauliche Strategien

- Verwendung von **zukünftig angepasstem** Vermehrungsgut?
- Verwendung von **heute angepasstem** Vermehrungsgut?
- Verwendung von **vielfältigem** Vermehrungsgut?
- Unterstützte **lokale Anpassung?**



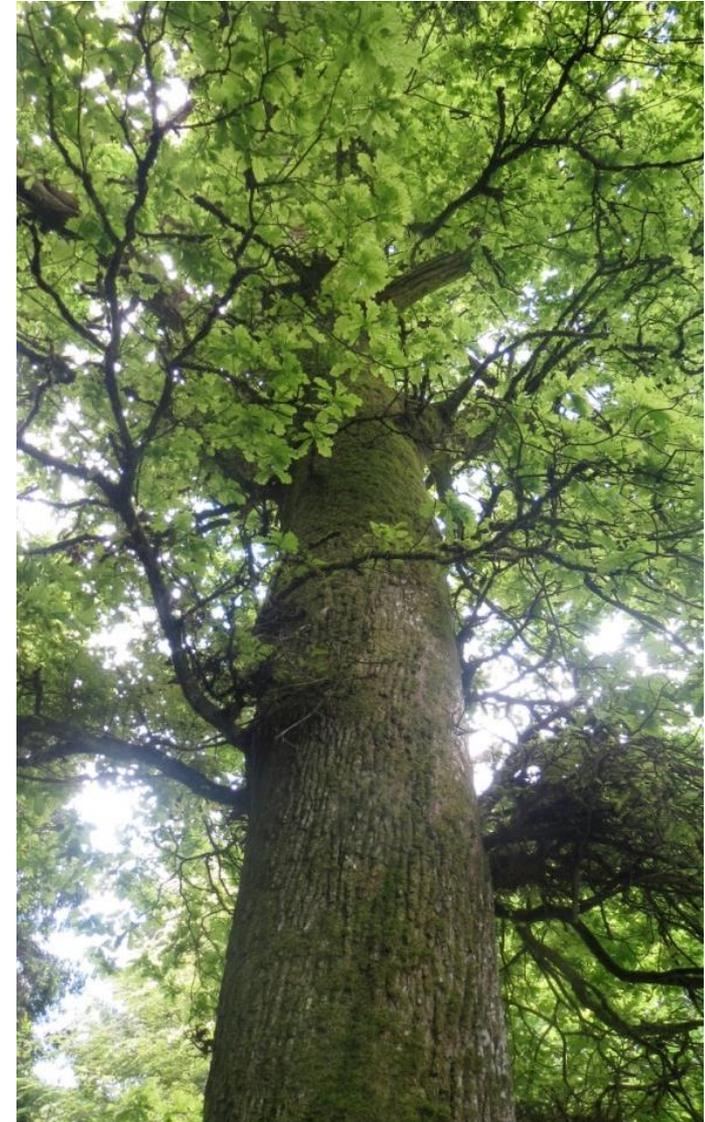
Zukünftig angepasstes Vermehrungsgut

- Vermehrungsgut von Bäumen aus Beständen, die heute bereits die zukünftigen lokalen Umweltbedingungen haben («assisted migration»)
- Bestimmung durch
 - Genetische Analysen
 - Standortanalysen
- Nachteile:
 - Komplexe Interaktionen von Genen und Umweltfaktoren
 - Klimaprognosen
 - Ignorierung von wichtigen biotischen Faktoren



Heute angepasstes Vermehrungsgut

- Förderung der Vermehrung der Bäume innerhalb eines Bestandes, die am besten an die lokalen Verhältnisse angepasst sind
- Bestimmung durch
 - Genetische Analysen
 - Fitnessmerkmale (Wachstum, Anzahl Nachkommen)
- Vorteile
 - Natürliche Auslese findet vorwiegend im Jungstadium statt
 - Kein bestandesfremdes Vermehrungsgut
- Nachteile:
 - Komplexe Interaktionen von Genen und Umweltfaktoren
 - Ignorierung von wichtigen biotischen Faktoren



Vielfältiges Vermehrungsgut

- Verwendung von genetisch vielfältigem Vermehrungsgut
- Vorteile:
 - grosse Potential zur Anpassung
 - Keine Totalausfälle
- Nachteil:
 - Viele unangepasste Genvarianten vorhanden



Unterstützte lokale Anpassung



- Vernetzung der Bestände
 - Erhaltung des Genflusses
 - Erhaltung der genetischen Vielfalt
- Bäume freistellen
 - fördert Befruchtung, Ausbreitung und Naturverjüngung
- Keine Pflanzungen

Schlussfolgerungen

- Genomische Untersuchungen stecken noch in den Anfängen
- Mögliche Szenarien:
 - Anpassung
 - Südliche Bestände breiten sich Richtung Norden aus
 - Zunahme Trauben- und Flaumeiche
 - Trockenheitsresistentes Erbgut setzt sich mittels Kreuzung in der Stieleiche fest
- Wichtige Faktoren:
 - Genetische Variation
 - Anpassung
 - Genfluss
 - Zwischenartliche Kreuzung
- Komplexe Interaktionen lassen keine Aussage über die beste zukünftige Strategie zu
- Genetische Diversität fördern
 - Naturverjüngung fördern
 - Genfluss sicherstellen
 - Vielfältiges Vermehrungsgut verwenden

