

WEISSTANNEN-GENOM ERFORSCHEN

Die Tanne hat sich im Zuge des „Waldsterbens“ als Problembaumart ins Gedächtnis eingepägt. Die Luftverunreinigungen sind zurückgegangen, die Tanne hat sich erholt, nur die Verjüngung leidet noch immer unter dem Verbiss. Eine neue Forschungskoope-
ration am BFW untersucht jetzt ihr Genom – hat es etwas für die Klimaanpassung zu bieten?

Mit dem Pfahlwurzelsystem reicht die Tanne (*Abies alba*) sehr tief, und schon dadurch sollte sie für den Klimawandel mit Stürmen und Trockenphasen gut gerüstet sein, meinen viele. Das mag einen Kontrast zur ebenso gängigen Meinung darstellen, dass sie luftfeuchte Lagen liebt. Wenn man sich ihr Verbreitungsgebiet ansieht, merkt man aber, dass es in Italien, in den Pyrenäen oder am Balkan viel weiter in den Süden reicht als jenes der Fichte. Darüber hinaus gibt es nahe verwandte Tannenarten bis nach Südspanien, Sizilien und Nordafrika. Diese haben sehr kleine Verbreitungsgebiete und müssen streng geschützt werden. Die Vorkommen der Spanischen Tanne (*A. pinsapo*) im Süden des Landes sind etwa gar nicht so einfach zugänglich. Ähnlich ist es bei der Sizilianischen Tanne (*A. nebrodensis*), die unter starkem Verbiss von Weidevieh leidet. Es ist beeindruckend, welche trockenen Kalkstandorte diese Art besiedelt – es sind aber nur mehr rund 30 Bäume übrig! Die Nachrichten über die Numidische Tanne (*A. numidica*) in Algerien sind noch spärlicher. Allen ist aber das Vorkommen in relativ trockenen Weltgegenden gemeinsam, wenn es sich auch um Berglagen handelt.

Doch auch bei der heimischen Weißtanne hat schon Mayer (1974, S. 264) auf das Vorhandensein von Ökotypen auf tro-

ckeneren Standorten hingewiesen, oft im Regenschatten höherer Berge. Das ist auch augenscheinlich, wie beispielsweise an manchen Standorten der *Abies cilicica* (Kilikische Tanne) im Taurusgebirge im Süden der Türkei. Ist also die Tanne die Antwort auf den Klimawandel?

DIE GENOME DER KONIFEREN

Dazu müssen wir noch vieles erforschen. Leider gibt es ebenso wenig „den“ Klimawandel wie „die“ einzige Antwort, sondern noch viele Unsicherheiten. Es wäre deshalb „gute forstliche Praxis“, eine Reihe von Vorgehensweisen parallel auszuprobieren, und genau hier hat auch die Tanne ihren Platz. Wir müssen aber noch viel mehr über sie in Erfahrung bringen. Zum Beispiel ist das Wissen um ihre Gene und ihr Genom (also die Gesamtheit aller Gene und deren Varianten) noch sehr gering.

Nadelbaum-Genome sind anders als jene der Laubbäume, Sträucher und krautigen Pflanzen. In erster Linie sind sie viel größer, ohne aber aus besonders vielen Chromosomen zu bestehen. In anderen Worten: Die einzelnen Chromosomen der Nadelbäume sind riesig. Der Grund könnte darin liegen, dass Nadelbäume anders mit „Genomverdoppelungen“ umgehen, die im Laufe der Entwicklungsgeschichte immer wieder vorkommen. Bei Nadelbäumen könnte auch die starke Ak-

tivität „springender Gene“ (Retrotransposons) eine Rolle spielen. Während die Bedecktsamer die „neuen“ Gene entweder einer anderen Verwendungsmöglichkeit zuführen (Mutation) oder umgehend wieder loswerden, scheinen die Nadelbäume eher auf das „Stilllegen“ dieser überzähligen Gene zu setzen, die ansonsten das delikate Gleichgewicht im Netzwerk der Gen-Wechselwirkungen in der Zelle →

Trockenstandort von *A. cilicica* im Taurusgebirge in der Türkei.



leicht durcheinanderbringen können. Durch das Inaktivieren angesamelter Genkopien wächst das Genom jeder Zelle stark an. Das hat auch Nachteile in der Evolution. Andererseits haben sie sich in speziellen ökologischen Nischen gehalten, für die ihre Art der „DNA-Vorratshaltung“ auch Vorteile bieten muss. Das sind vor allem die gemäßigten und nördlichen Breiten, wo aufgrund der kältetoleranten Blattoorgane (Nadeln) Photosynthese auch in weniger optimalen Jahreszeiten möglich ist.

Solche Zusammenhänge will ein neues Forschungsprojekt am Bundesforschungszentrum für Wald (BFW) in enger internationaler Kooperation erforschen.

NEUE INTERNATIONALE KOOPERATION

Die Initiative dazu entstand im Netzwerk „Alpine Forest Genomics“ – AForGeN (www.aforgen.org). Das Netzwerk trifft sich einmal jährlich im Alpenraum, um aktuelle Probleme dieser Forschungsrichtung informell zu diskutieren und Arbeiten zu koordinieren. Vor Kurzem wurde das Netzwerk in eine IUFRO-Arbeitsgruppe umgewandelt (<http://www.iufro.org/science/divisions/division-2/20000/20400/20411/>) und hat dadurch den Sprung in die ganze „alpine“ Welt gemacht – also in die Hochgebirge der Erde. Das Interesse am nächsten Treffen in Norditalien (15. bis 17. Juni) ist groß. Das gemeinsame Tannenprojekt soll möglichst unkompliziert vorhandene Daten zusammenbringen, das Geld für die Sequenzierung eines Baumes aufbringen und die Daten für gemeinsame Publikationen und Weiternutzung aufbereiten. Obwohl die Nadelbaum-Genome so groß sind, ist der Aufwand für das reine Durchsequenzieren der DNA nicht mehr so hoch wie noch vor wenigen Jahren. Wir schätzen mit reinen Laborkosten von zirka 100.000 €. Diese Summe wurde von etwa zehn Institutionen in Europa bereits eingesammelt – ein relativ unkomplizierter Bottom-up- oder Crowdfunding-Ansatz. In Österreich beteiligen sich das Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft, die Landwirt-



Einer der letzten überlebenden Bäume von *A. nebrodensis* in Sizilien.

KURZ GEFASST

- ▶ Untersuchung der Genome von Tanne in Hinblick auf den Klimawandel
- ▶ Hierfür gibt es ein neues Forschungsprojekt am Bundesforschungszentrum für Wald (BFW) mit internationaler Kooperation

schaftskammer sowie voraussichtlich die Bundesländer Steiermark, Vorarlberg, Tirol, Kärnten, Salzburg und Oberösterreich an der Finanzierung. Ein Baum am Gelände der schweizerischen WSL wurde ausgewählt, und im Augenblick laufen die Sequenziermaschinen in einem Institut in Barcelona (CNAG) bereits mit dem Material dieses Baumes.

Dabei wird die DNA der riesigen Chromosomen in ganz kleine Bruchstücke zerlegt und Stück für Stück sequenziert, das heißt, die Abfolge der vier Grundbestandteile der DNA wird für jedes der Stücke bestimmt. Diese überlappen sich und so kann man in monatelanger Computerarbeit versuchen, sie wieder zu ganzen Chromosomen zusammenzustückeln. Diese Arbeit wird mit Personal- und Computereinsatz aus dem Konsortium bewältigt. Es sind leistungsfähige „Supercompu-

ter“ notwendig, um dieses gigantische „Puzzle“ aus Milliarden von Einzelteilen zu bewältigen.

OST- UND WESTTANNEN

Um mit den Daten einen Mehrwert für Österreich zu schaffen, ist geplant, sich die Tannen in Österreich näher anzuschauen. Schon vor einiger Zeit wurde festgestellt, dass diese Baumart nach der letzten Eiszeit relativ spät aus unterschiedlichen Richtungen nach Österreich zurückgekommen ist (Mayer 1974, Breitenbach-Dorfer et al. 1997). Deshalb nehmen wir uns vor, Unterschiede zwischen diesen Herkunftsgebieten zu suchen. Dafür wurden uns bereits Tannen aus Vorarlberg und der Oststeiermark zur Verfügung gestellt. Mit diesem Pflanzenmaterial wollen wir Messenger-RNA (Boten-Ribonukleinsäure) isolieren und untersuchen. Diese RNA transportiert in der Zelle Kopien der gerade aktiven Gene zum Ort der Proteinherstellung und stellt das Bindeglied des „genetischen Codes“ der DNA zu den Proteinen dar. Wir wollen möglichst viele Gensequenzen durch deren Sequenzierung erfassen. Dabei wird wieder ein Gemisch möglichst vieler, relativ kurzer RNA-Stücke hergestellt und an Speziallabors zur Sequenzierung geschickt. Mit den Daten erwarten wir unsere erste Aussagen zur Unterscheidbarkeit von Herkünften innerhalb Österreichs.

Nicht alle Gene sind komplett einheitlich, es gibt immer Varianten – Allele genannt – und diese bilden die Grundlage der erblichen Unterschiede zwischen Individuen derselben Art. Durch umfangreiche Computer-Analysen können diese kleinen Sequenz-Unterschiede aufgespürt und validiert werden. Sobald diese genetischen Marker feststehen, kann man sie auf einfachere Weise in größeren Anzahlen von Pflanzen untersuchen. Da damit ein überwiegender Teil des gesamten Genoms abgedeckt ist, kann man auf die Suche nach genetischen Ursachen für messbare oder beobachtete Unterschiede zwischen verschiedenartigen Pflanzen gehen. Wir erwarten uns davon Informationen zu einem etwaigen „geografischen Fingerabdruck“ der Tanne in Österreich und in weiterer Folge Anhaltspunkte für tatsächliche Wachstumsunterschiede, die ja letztendlich nur

durch unterschiedliche Genwirkungen zustande kommen können.

GRUNDLAGE FÜR WEITERE FORSCHUNG

Wenn eine größere Anzahl von Pflanzen analysiert ist, kann man sich weitere Eigenschaften anschauen und nach genetischen Ursachen suchen. Diese Methode wird auch in der Humanmedizin immer häufiger angewendet und wir erfahren daraus, dass eigentlich jeder Mensch seine oder ihre „maßgeschneiderten“ Medikamente in individueller Dosis benötigt. Bäume sind ganz ähnlich; nicht jeder Baum reagiert auf jede Behandlung gleich. Oft unterscheiden sich Herkünfte in ihren Reaktionen ganz beträchtlich. Wie erwähnt, greifen die Gene in äußerst komplizierten Netzwerken ineinander, um zum jeweiligen Zeitpunkt ein den Umweltbedingungen entsprechendes, genau ausbalanciertes

Spektrum an Genen und Varianten zu aktivieren. Das soeben begonnene Projekt wird die Basis dafür schaffen, viele der Wachstumsphänomene der Tanne zu untersuchen. Das können reine Unterschiede in der Wuchsgeschwindigkeit, im Verhalten gegenüber Krankheiten, Wettererscheinungen (zum Beispiel: Frost oder Trockenheit) und Standorten bis hin zur Holzqualität sein – es stellt also eine wichtige Investition in die vielfältige Zukunft einer wichtigen Waldbaumart in Österreich dar. ■

Das Literaturverzeichnis ist beim Autor erhältlich. Falls sich jemand an dem Projekt – auch finanziell – beteiligen will, kontaktieren Sie diesen bitte ebenfalls. Zum Abschluss ist ein Symposium geplant, das rechtzeitig auf der BFW-Homepage <http://bfw.ac.at> angekündigt wird.

Dr. Berthold Heinze, Bundesforschungszentrum für Wald, berthold.heinze@bfw.gv.at

HSM 208F
Technik die Freude macht.

ElmiaWood

BESUCHEN SIE UNS
7. - 10. 6. Stand Nr. 849
Weitere Informationen auf
www.hsm-forest.com

HSM

HSM Hohenloher Spezial-Maschinenbau GmbH & Co. KG, 74635 Neu-Kupfer, Tel. +49(0)7944 9191-0 www.hsm-forest.com

208F Kranrückezug mit Iveco 6 Zyl. Motor TIER4 Interim/Stage IIIB und SCR - Clean Power Technologie, optimierte Lüftersteuerung für reduzierten Kraftstoffverbrauch und weiteren HSM Innovationen. Erhältlich mit versch. Optionen, auch als Steilhangversion, Reifen bis 940 mm breit bei Außenbreite unter 3 m, Schnellwechselsysteme, tiltbare starke Krane, flexibles Rungensystem, Bogielift, Seilwinden bis 10 t Zugkraft u.v.m.