

Hybrid oaks

Genomics of hybridization in white oaks for climate-adapted Austrian forests

Programm / Ausschreibung	Austrian Climate Research Programme (ACRP) Ausschreibung 2023/01	Status	laufend
Projektstart	01.11.2024	Projektende	31.10.2027
Zeitraum	2024 - 2027	Projektlaufzeit	36 Monate
Keywords	Oak; Hybrid; Introgression; Genomics		

Projektbeschreibung

Wälder spielen eine Schlüsselrolle in der aktuellen Klimakrise, da sie die globale Erwärmung verlangsamen. Gleichzeitig sind die meisten Waldökosysteme in Österreich und weltweit durch den Klimawandel und die anthropogenen Übernutzung bedroht. Lokale Anpassung und hohe genetische Vielfalt sind entscheidend für das langfristige Überleben von Wäldern. Dennoch werden die natürlichen Migrationsraten von Bäumen zu geeigneten Lebensräumen und ihr Anpassungspotenzial durch die Geschwindigkeit des Klimawandels und menschengemachte Veränderungen der Lebensräume übertroffen. Nachhaltige Forstwirtschaft zur Bekämpfung des Waldverlusts erfordert ein tieferes Verständnis der Prozesse, (i) die Verteilung und Erhaltung der intraspezifischen genetischen Vielfalt bestimmen und (ii) neue Anpassungslösungen an sich verändernde lokale Umgebungen fördern. Langlebige Organismen wie Waldbäume können sich nicht nur auf de novo Mutationen, intraspezifischen Genfluss und plastische Reaktionsnormen verlassen, um mit den gegenwärtigen Umweltveränderungen Schritt zu halten. Stattdessen ist die vorhandene genetische Variation, die durch intraspezifische Hybridisierung neu geordnet wird, wahrscheinlich kurzfristig eine wichtige Triebkraft der Klimaanpassung. Zu den Weißbeichen (*Quercus sect. Quercus*) gehören mehrere Arten, die eine zentrale Rolle bei der Erhaltung und Wiederherstellung künftiger Waldflächen in Europa spielen. Es ist bekannt, dass genetische Introgression zwischen Weißbeichenarten häufig vorkommt und ein schneller Mechanismus sein kann, um die intraspezifische adaptive genetische Variation zu erhöhen, insbesondere auf marginalen Standorten und unter veränderten Umweltbedingungen. Der interspezifische Genfluss in Weißbeichenpopulationen in Mittel- und Westeuropa wurde bereits umfassend untersucht, aber nur wenige Studien suchten nach einem Zusammenhang zwischen Introgression und Anpassung an das Klima. Darüber hinaus steht eine umfassende genomische Untersuchung der Weißbeichenarten in Südosteuropa noch aus, obwohl diese Region für ihre hohe taxonomische und phänotypische Vielfalt bekannt ist und ähnliche klimatische Bedingungen aufweist, wie sie für Österreich und Mitteleuropa in naher Zukunft prognostiziert werden. Derzeit fehlt uns ein detailliertes Verständnis (i) der Mechanismen, die den Genfluss zwischen den Weißbeichenarten in Südosteuropa steuern, (ii) der Korrelation zwischen klimatischen Veränderungen und der Häufigkeit der Introgression und der Etablierung von Hybridpopulationen und (iii) der genetischen Eigenschaften, die Hybriden potenziell anpassungsfähiger und widerstandsfähiger gegenüber klimatischen Veränderungen machen. Wir stellen die Hypothese auf, dass die hohe genetische und taxonomische Vielfalt der Weißbeichen in Südosteuropa aus dem Wechsel von Genfluss- und Isolationsereignissen in der jüngeren geologischen Vergangenheit resultiert, ausgehend

von verschiedenen eiszeitlichen Refugien in Süd- und Osteuropa und wahrscheinlich unter Beteiligung des Genflusses zwischen Arten, die sowohl in Westeuropa als auch im Nahen Osten und im Kaukasus verbreitet sind. Wir halten es für wahrscheinlich, dass die Übertragung adaptiver Merkmale durch fortlaufende Hybridisierung unter bestimmten klimatischen Bedingungen erleichtert wird und dass ein solcher Mechanismus eine entscheidende Rolle bei der Anpassung der Arten an sich verändernde Klimabedingungen spielt; diese genetischen Ressourcen könnten entscheidend für den Waldschutz in Österreich und Mitteleuropa sein. Unser Ziel ist es, die Rolle der Hybridisierung bei der Anpassung an das Klima mithilfe des Weiß-Eichen-Artenkomplexes als Untersuchungssystem zu erforschen und dabei einen besonderen Fokus auf Österreich und Südosteuropa zu legen. In den letzten Jahren hat unsere Forschung zu Hybrid- und lokalen Formen von Weiß-Eichen in Österreich und Südosteuropa Populationen aufgedeckt, die reich an Arten und ihren Hybriden sind und unter einer Vielzahl von ökologischen Bedingungen gedeihen, einschließlich besonders heißer und trockener. Aufbauend auf dieser Grundlage möchten wir das umfassendste populationsgenomische Datenset für Weiß-Eichen in Südosteuropa erstellen, das bisher verfügbar ist. Dieses Datenset wird die am weitesten verbreiteten Arten, ihre Hybriden sowie lokal begrenzte Unterarten und Varietäten entlang eines klimatischen Gradienten umfassen – von relativ feuchten und kalten Bedingungen in Österreich bis zu trockenen und heißen Standorten an der Schwarzmeerküste. Dies ermöglicht es uns, das Ausmaß der Introgression zu quantifizieren, ihre evolutionären Dynamiken im Laufe der Zeit zu verfolgen und Introgressions-Hotspots im Genom mit potenziell adaptiven Funktionen zu identifizieren. Die Erkenntnisse aus unserem Ansatz werden wesentliche Informationen für das Management genetischer Waldressourcen im Kontext des Klimawandels in Österreich liefern.

Abstract

Forests play a key role in the current climate crisis by slowing down global warming. At the same time, most forest ecosystems in Austria and worldwide are threatened by climate change and other anthropogenic impacts. Local adaptation and high levels of genetic diversity are key for long-term survival of forests, yet natural migration rates of trees to suitable habitats and their adaptation potential are exceeded by the speed of climate change and human-made habitat modification. Sustainable forest management to combat forest loss requires a deeper understanding of the processes that (i) govern the distribution and maintenance of intraspecific genetic diversity, and (ii) foster new adaptive solutions to changing local environments. While long-lived organisms like forest trees may not rely only on de novo mutations, intraspecific gene flow, and plastic reaction norms to keep pace with current rates of environmental change, standing genetic variation re-arranged via between-species hybridization is likely to represent a major driver of climate-adaptation in the short term. White oaks (*Quercus* sect. *Quercus*) include several species that play a central role in the conservation and restoration of forest cover and biodiversity in Europe. Genetic introgression between white oak species is known to happen frequently and can be a rapid mechanism to increase intraspecific adaptive genetic variation, particularly at marginal sites and under changing environments. Interspecific gene flow in oak populations across Central and Western Europe has been investigated extensively, but only a few studies sought for a link between introgression and adaptation to climate. Moreover, a comprehensive genomic investigation of white oak species in Southeastern (SE) Europe is still lacking despite it being renowned for the high taxonomic and phenotypic diversity and climatic conditions similar to those projected for Austria and Central Europe in the near future. Currently we lack a detailed understanding of (i) the mechanisms governing gene flow among white oak species in SE Europe, (ii) the correlation between climatic shifts and the frequency of introgression and the establishment of hybrid populations, and (iii) the genetic attributes that make hybrids potentially more adaptable and resilient to changing climates. We hypothesize that the high genetic and taxonomic diversity of white oaks in SE Europe resulted from the alternation of admixture and isolation events during the recent geological past, starting from different glacial refugia in Southern and Eastern Europe and likely involving gene flow among species distributed both in the West of

Europe and the Caucasus. Further, we postulate that adaptive trait transfer through ongoing hybridization is facilitated under specific climatic conditions and such a mechanism plays a crucial role in enabling species to adapt to changing climates; these genetic resources may be key for forest conservation in Austria and Central Europe. We aim to investigate the role of hybridization in the adaptation to climate using the white oaks species-complex as a study system and placing a special focus on Austria and SE Europe. In the past years, our research on hybrid and local forms of white oaks in Austria and SE Europe has uncovered populations rich in species and their hybrids thriving in a range of ecological conditions, including particularly hot and dry. Expanding on this groundwork, we want to establish the most extensive population genomic dataset for white oaks in SE Europe to date, encompassing the most broadly distributed species, their hybrids, as well as locally restricted subspecies and varieties along a climatic gradient, ranging from relatively humid and cold conditions in Austria to dry and hot environments proximal to the Black Sea coast. This will allow us to quantify the extent of introgression, trace its evolutionary dynamics over time, and pinpoint introgression hotspots in the genome with potential adaptive functions. The insights derived from our approach will provide essential information for forest genetic resource management in the context of climate change in Austria.

Projektkoordinator

- Bundesforschungs- und Ausbildungszentrum für Wald, Naturgefahren und Landschaft

Projektpartner

- ETH Zürich