

Epigenetische und mikrobiomische Ansätze zur Förderung der Resistenzen in Baumarten

Hans Hoenicka

Thünen Institut für Forstgenetik, Grosshansdorf



5. Tharandter
Waldschutzkolloquium
28. und 29. Oktober 2025

Gliederung

- Hintergründe
- Resistenzforschung beim Thünen Institut

Die Auswirkungen invasiver Pilzkrankheiten und des Klimawandels auf Baumarten



Gemeine Esche (*Fraxinus excelsior*)

Pilzkrankheit: Eschentriebsterben
(*Hymenoscyphus fraxineus*)



Europäische Ulmen (*Ulmus minor*, *Ulmus glabra*)

Pilzkrankheit: Ulmensterben
(*Ophiostoma ulmi*, *O. himal-ulmi*,
O. novo-ulmi subsp. *novo-ulmi*/americana)

Das Ulmensterben hat mehrere Ulmenarten in Europa und Nordamerika dezimiert



Das Ulmensterben hat mehrere Ulmenarten in Europa und Nordamerika dezimiert

Kreuzungszüchtung
Pflanzen-DNA (Sequenz)



Pflanzensamen sind sehr komplexe Systeme

Langzeitwirkung

Kern-DNA, Plastid-DNA (Sequenz)

Stabile epigenetische Veränderungen (Kern- und Plastid-DNA)

Maternale small RNAs (sRNA)

Stabile epigenetische Veränderungen der sRNAs

Samenmikrobiom

Samenmikrobiom-DNA

Stabile epigenetische Veränderungen beim Samenmikrobiom

Kurzzeitwirkung

Hormonen

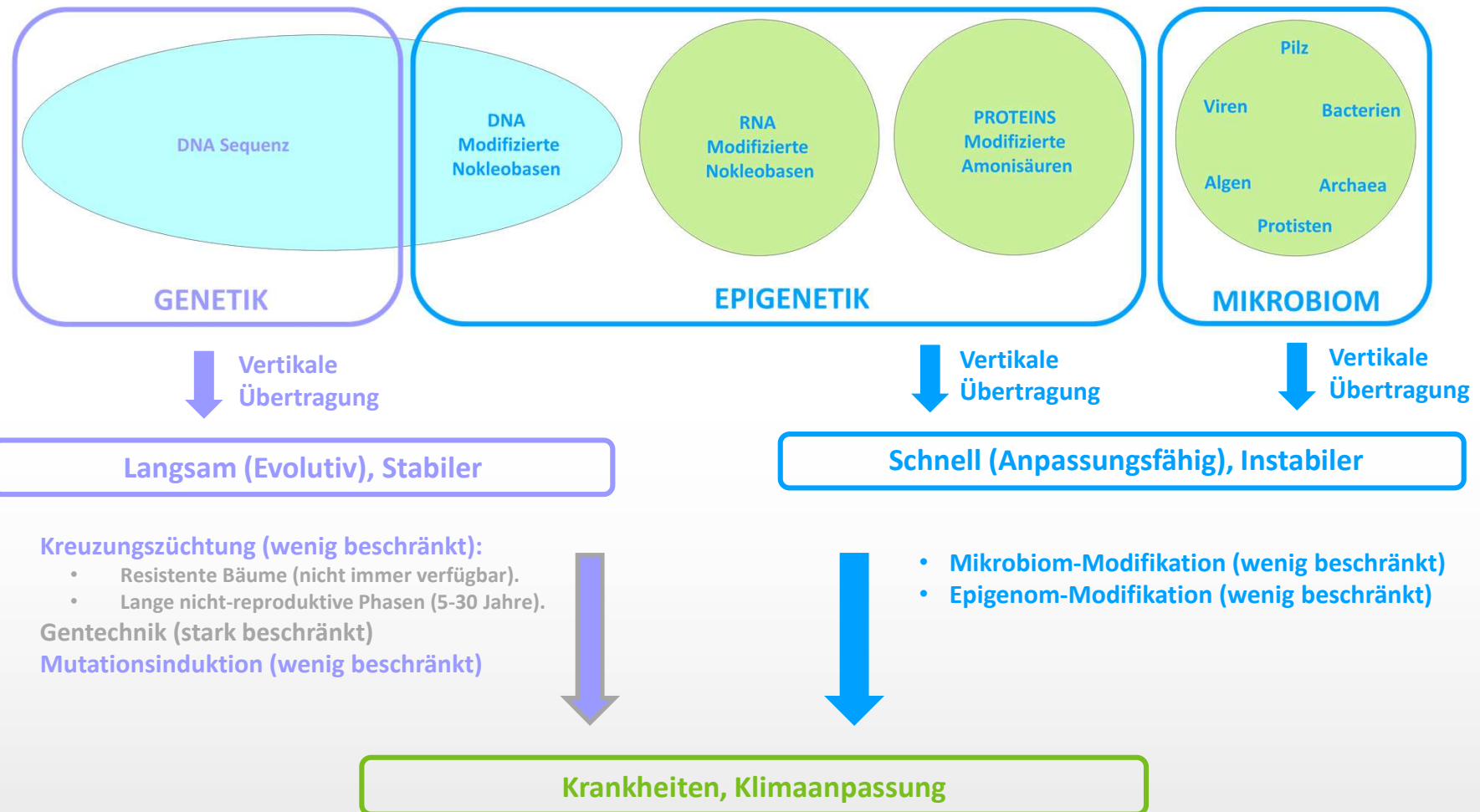
Nährstoffliche Reserven

Maternale Proteine und Peptide

Kleine Metaboliten / Sekundäre Verbindungen



Kreuzungszüchtung mit Resistenten Bäumen / Förderung der Stressresistenz



Die Epigenetik spielt eine Schlüsselrolle bei der Regulation des Stressgedächtnisses

Pflanzen

- **Epigenetische Regulierung.**
- Die Beteiligung der nicht-proteinogenen Aminosäuren β -Aminobuttersäure (BABA) und γ -Aminobuttersäure (GABA) am pflanzlichen Gedächtnis, insbesondere am "Stressgedächtnis", wird zunehmend besser charakterisiert.
- Kein Nervensystem; Gedächtnis befindet sich in Meristemen und umfasst systemische Signalübertragung.

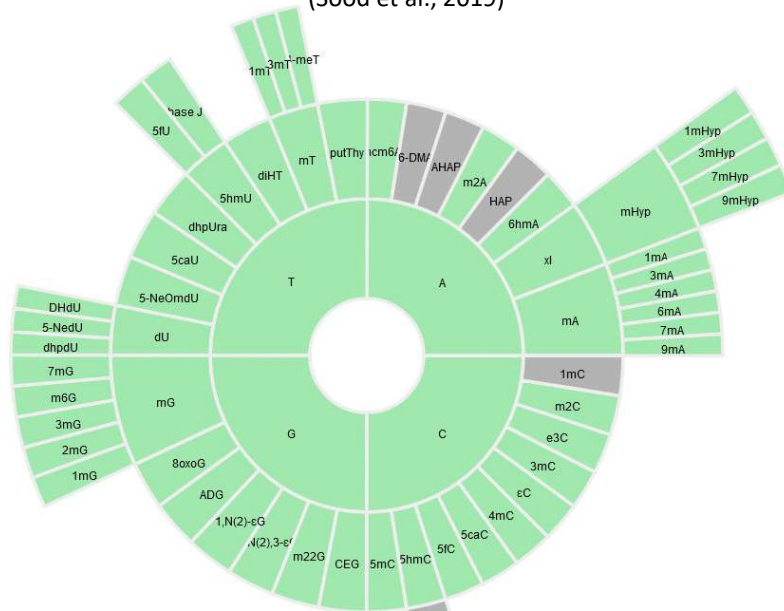
Tiere

- **Epigenetische Regulierung.**
- Regulatorische Funktionen der nicht-proteinogenen Aminosäure γ -Aminobuttersäure (GABA) bei der Gedächtnisregulation in Tieren sind gut charakterisiert
- Nervensystem (Hippocampus, präfrontaler Cortex)

Einige modifizierte Nukleobasen und Aminosäuren
sind die Grundlage der epigenetischen Regulation

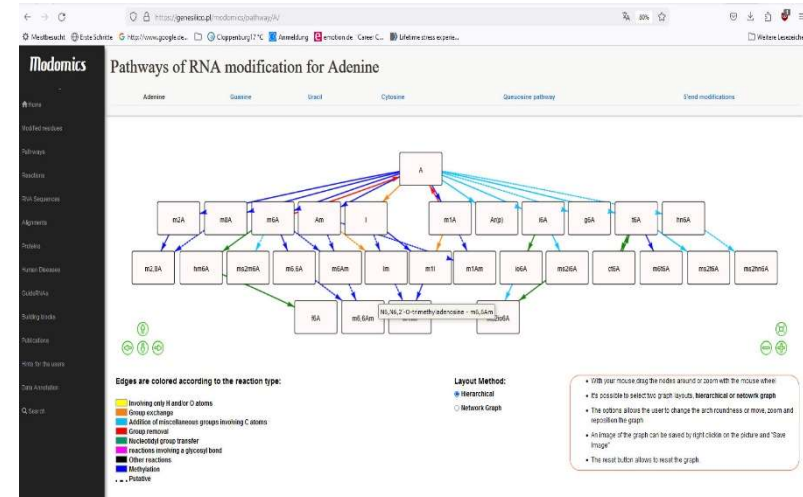
DNA

<https://dnamod.hoffmanlab.org>
52 modifizierte DNA-Nukleobasen
(Sood et al., 2019)



RNA

<https://genesilico.pl/modomics/>
163 modifizierte RNA-Nukleobasen
(Bocaletto et al., 2018)



Proteine

500 modifizierte Aminosäuren
(Keenan et al., 2021)

Gliederung

- **Hintergründe**
- Resistenzforschung beim Thünen Institut

FNR-Projekt Prägung

Hoenicka et al. *BMC Plant Biology* (2024) 24:779
<https://doi.org/10.1186/s12870-024-05425-6>

BMC Plant Biology

RESEARCH

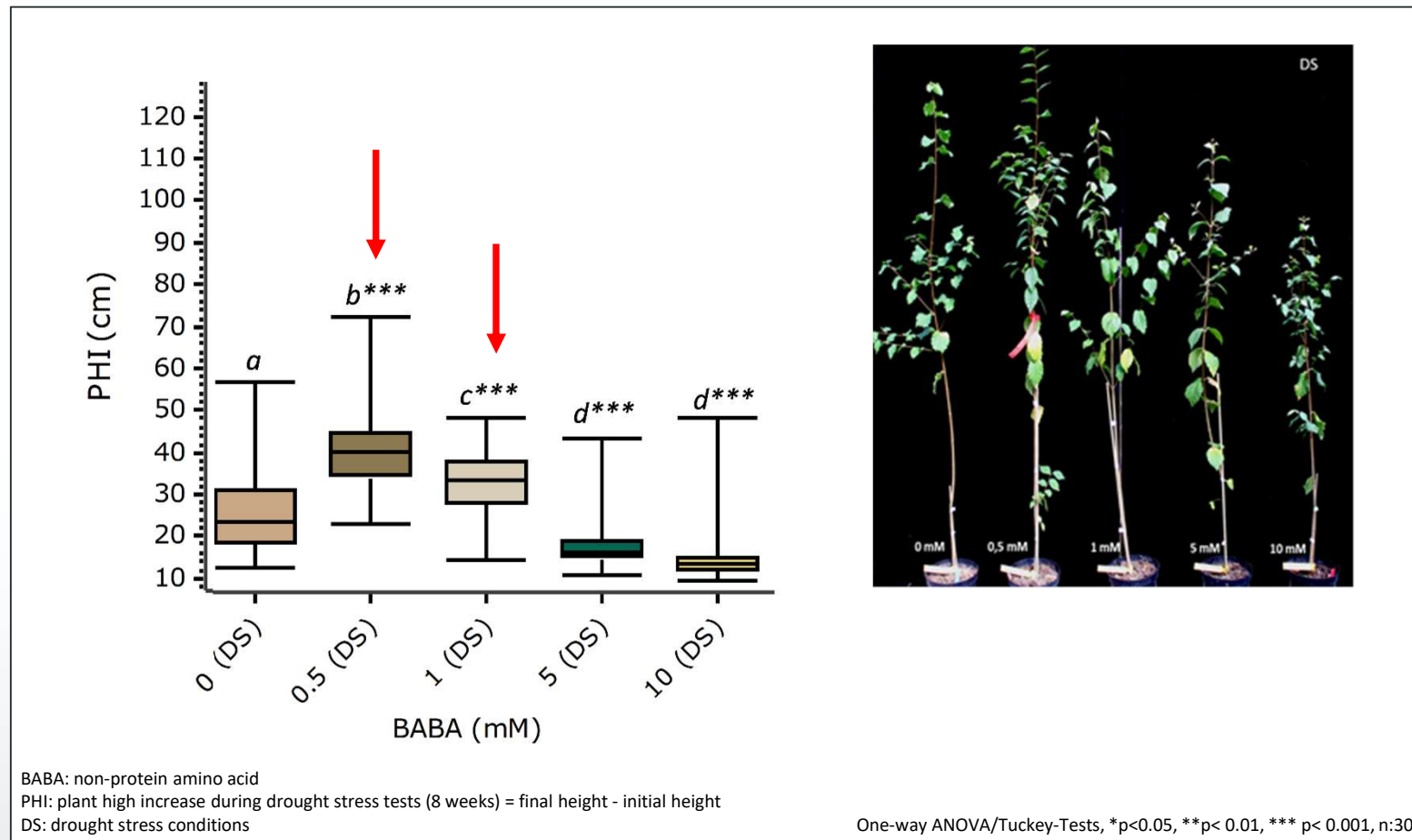
Open Access

β -Aminobutyric acid promotes stress tolerance, physiological adjustments, as well as broad epigenetic changes at DNA and RNA nucleobases in field elms (*Ulmus minor*)



Hans Hoenicka^{1*} , Susanne Bein¹, Marta Starczak³ , Wolfgang Graf¹, Dieter Hanelt² and Daniel Gackowski³ 

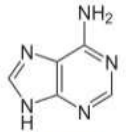
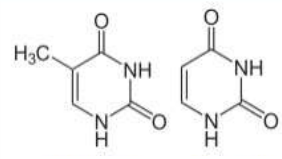
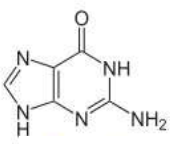
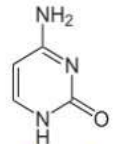
β -Aminobuttersäure (BABA) erhöhte die Trockenstressresistenz bei Feldulmen



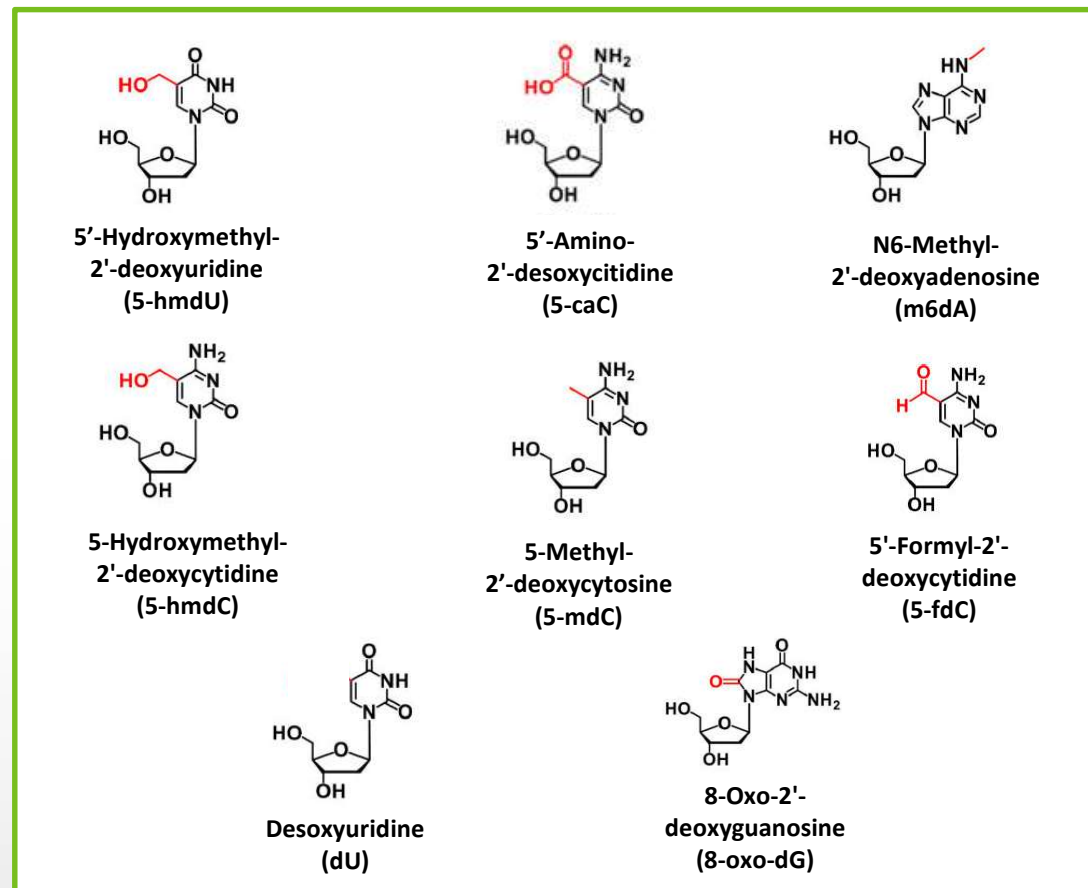
Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

Epigenom: Modifizierte DNA-Nukleobasen

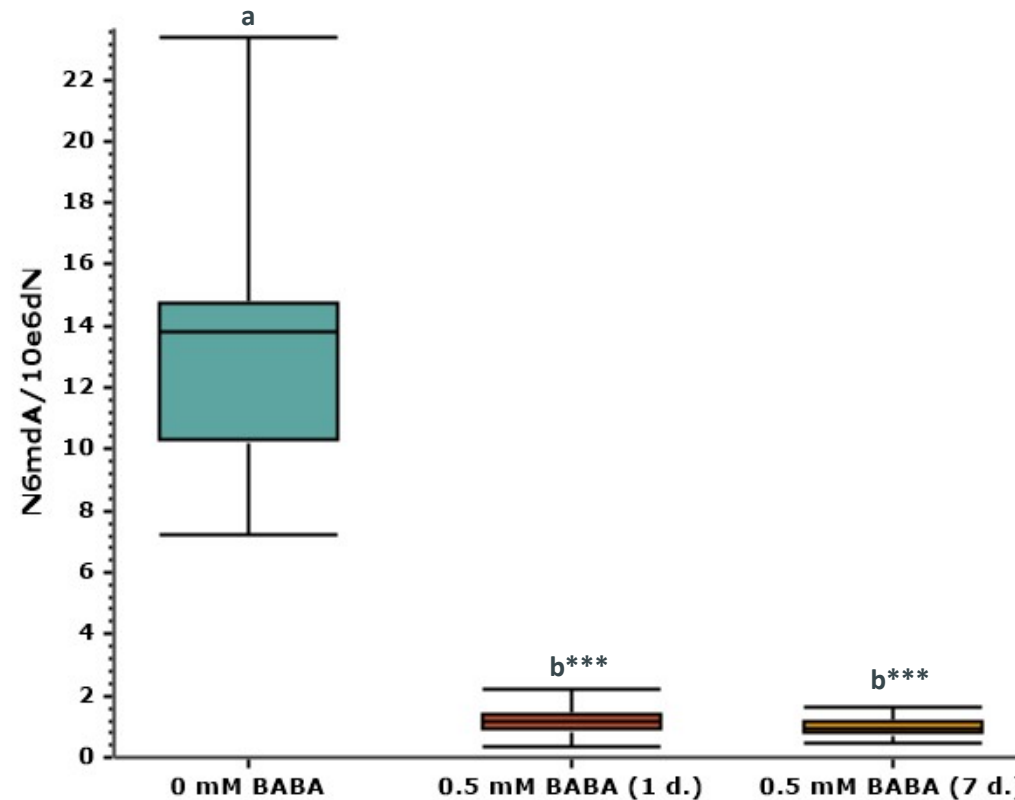
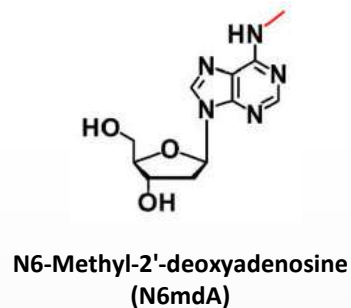
Nukleobasen (DNA/RNA)

Purine	Pyrimidine
 Adenine	 Thymine Uracil
 Guanine	 Cytosine

Untersuchte modifizierte DNA-Nukleoside



BABA-Behandlungen verändern die Konzentrationen von N6-Methyl-2'-desoxyadenosin

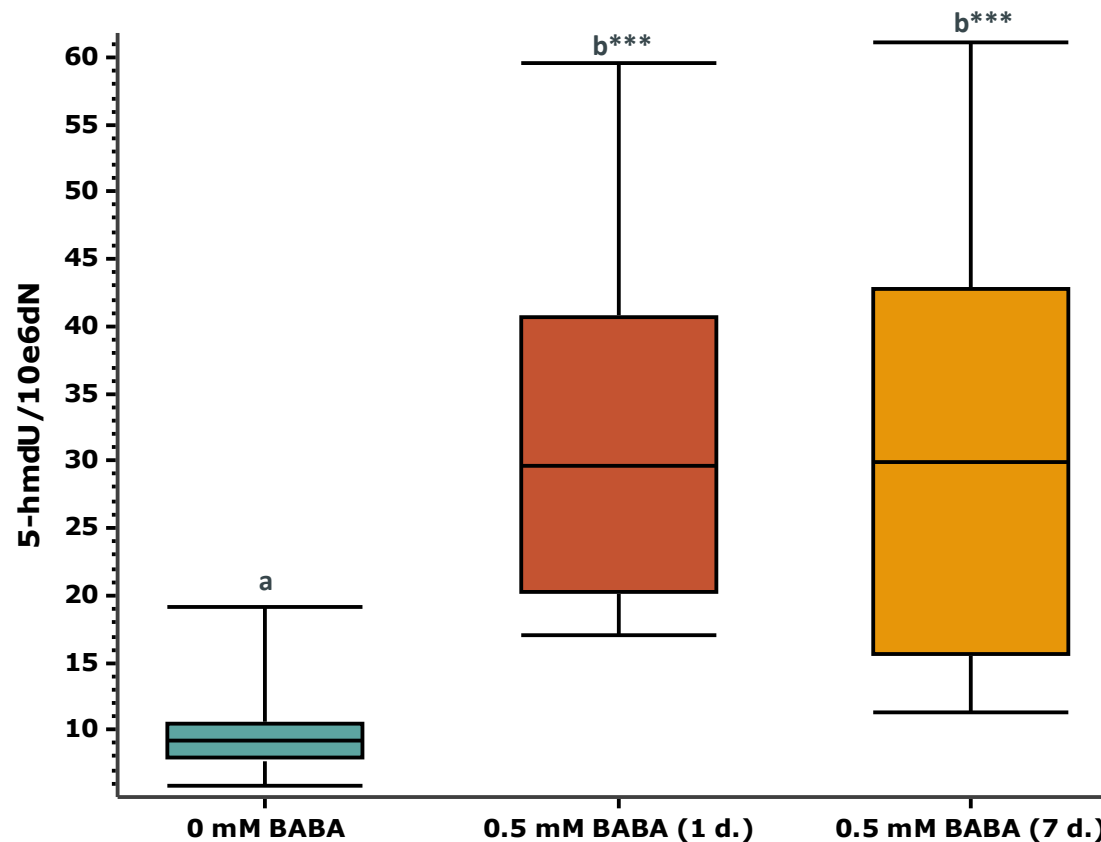
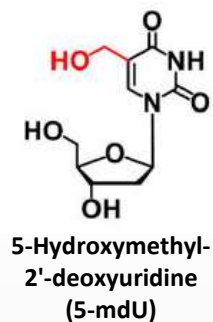


One-way ANOVA and multiple comparisons of Tukey, n: 24, *p<0.05, **p<0.001, ***p<0.0001

Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensitiver Massenspektrometrie analysiert

Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

Epigenetische Veränderungen bei Feldulmen nach der BABA-Behandlung

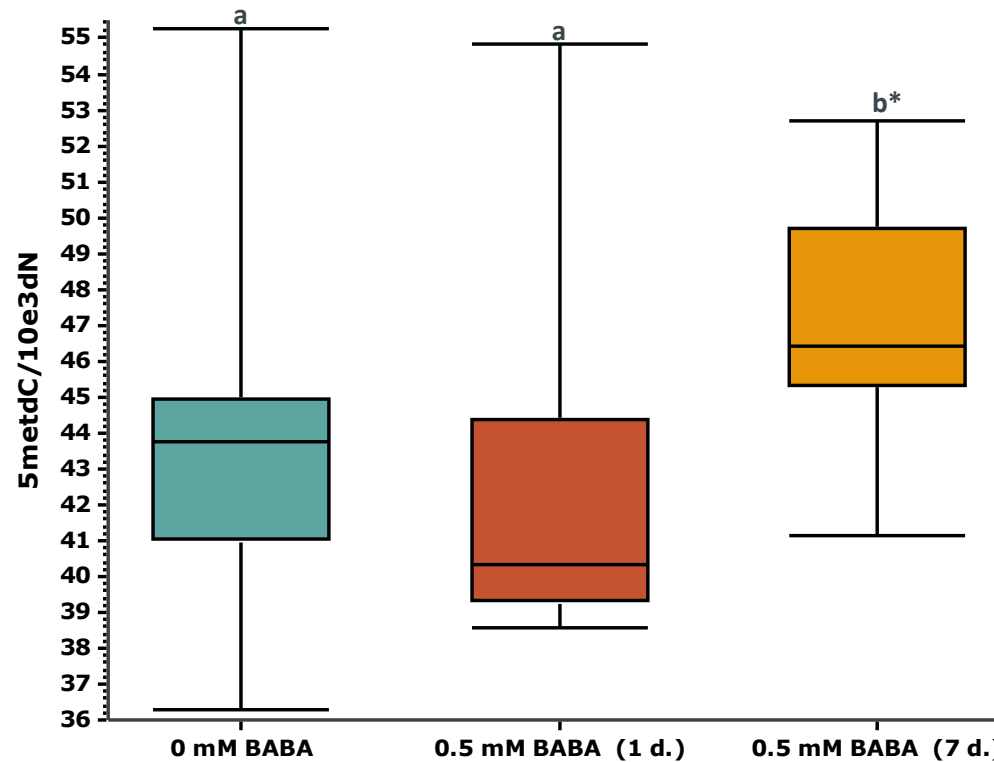
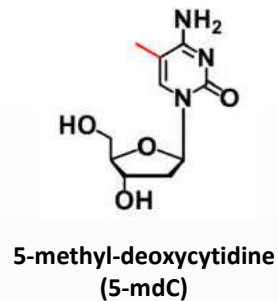


Kruskal-Wallis and Nemenyi tests, n: 24, *p<0.05, **p<0.01, ***p<0.001

Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensibler Massenspektrometrie analysiert

Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

Epigenetische Veränderungen bei Feldulmen nach der BABA-Behandlung

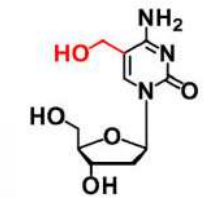


ANOVA and Tuckey test, n: 24, *p<0.05, **p<0.01, ***p<0.001

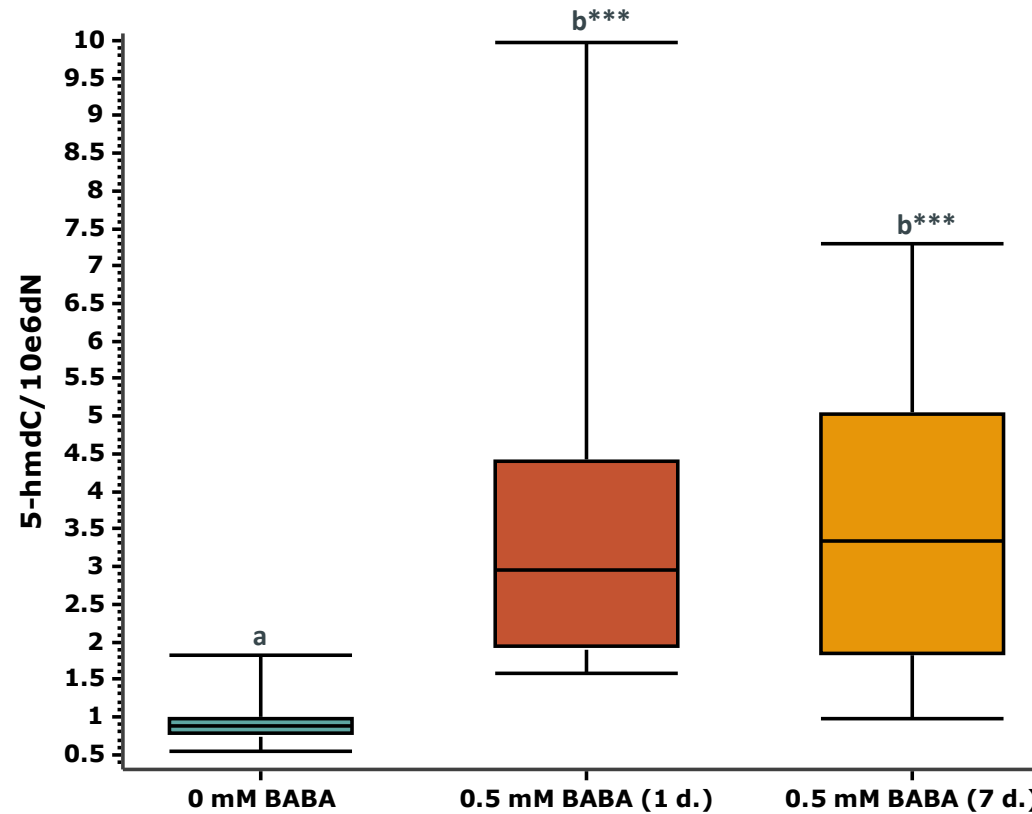
Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensitiver Massenspektrometrie analysiert

Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

Epigenetische Veränderungen bei Feldulmen nach der BABA-Behandlung



5-Hydroxymethyl-
2'-deoxycytidine
(5-hmdC)

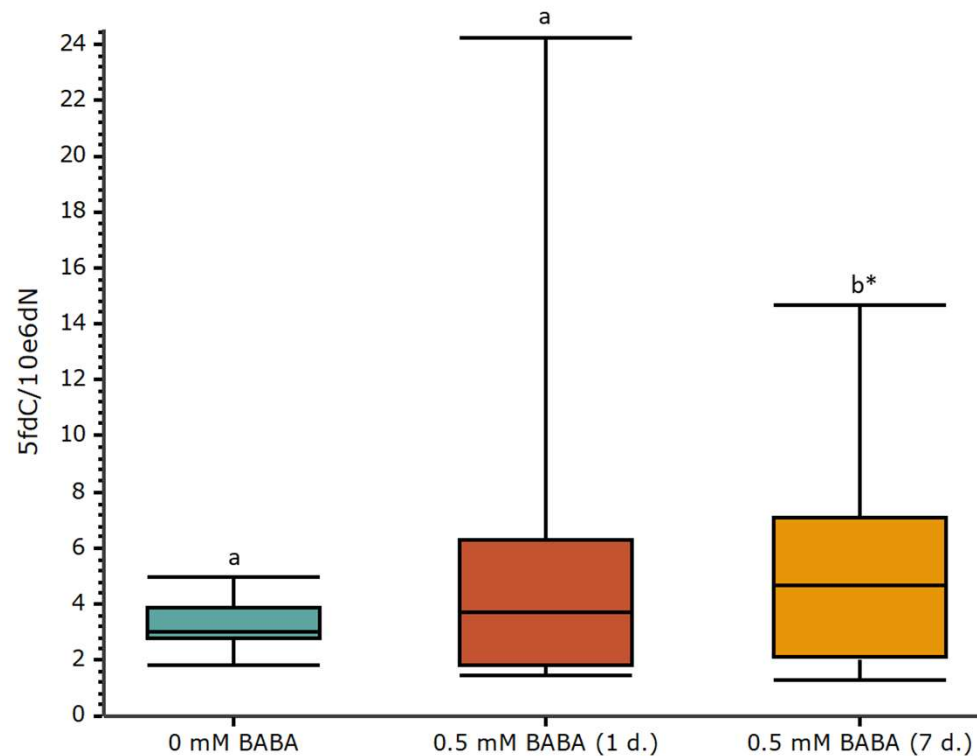
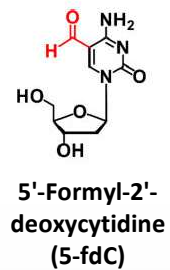


Kruskal-Wallis and Nemenyi tests, n: 24, *p<0.05, **p<0.01, ***p<0.001

Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensitiver Massenspektrometrie analysiert

Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

Epigenetische Veränderungen bei Feldulmen nach der BABA-Behandlung



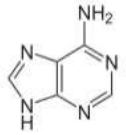
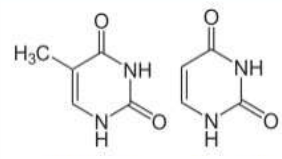
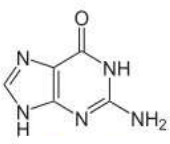
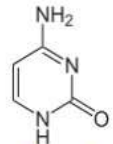
Kruskal-Wallis and Nemenyi tests, n: 24, *p<0.05, **p<0.01, ***p<0.001

Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensitiver Massenspektrometrie analysiert

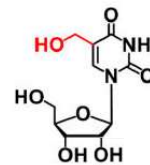
Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

Epitranskriptom: Modifizierte RNA-Nukleobasen

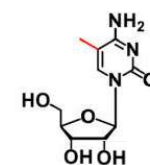
Nukleobasen (DNA/RNA)

Purine	Pyrimidine
 Adenine	 Thymine Uracil
 Guanine	 Cytosine

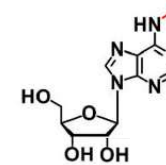
Untersuchte modifizierte RNA-Nukleoside



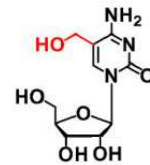
5'-Hydroxymethyl-
2'-ribosyluridine
(5-hmrU)



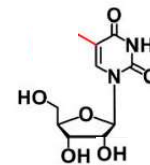
5-Methyl-
2'-ribosylcytosine
(5-mrC)



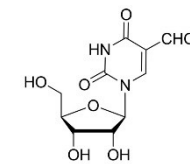
N6-Methyl-
2'-ribosyladenosine
(m6rA)



5-Hydroxymethyl-
2'-ribosylcytidine
(5-hmrC)

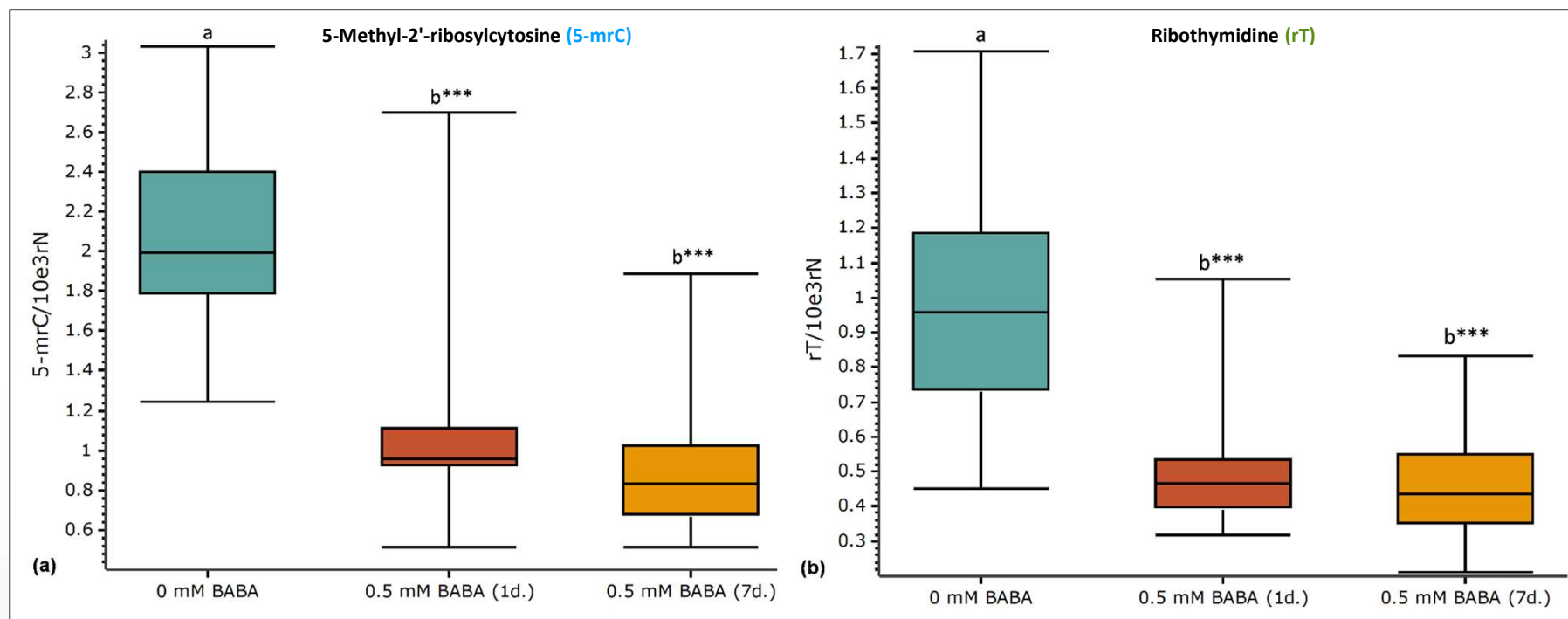


Ribothymidine
(rT)



5-Formyluridine
(5-frC)

BABA erhöht die Konzentrationen epigenetischer (5mrC) und tRNA-(rT)-Marker in der Ulmen-RNA



Kruskal-Wallis and multiple comparisons of Nemenyi, n: 24, *p<0.05, **p<0.01, ***p<0.001

5-mrC: Epigenetischer Marker

rT: Unterstützt die strukturelle Stabilität und Funktion der tRNA

Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensitiver Massenspektrometrie analysiert

Hoenicka et al., 2024, BMC Plant Biol. 24(1):779.

FNR-Projekt Prägung

Journal of Plant Diseases and Protection (2024) 131:1427–1439

<https://doi.org/10.1007/s41348-024-00989-9>



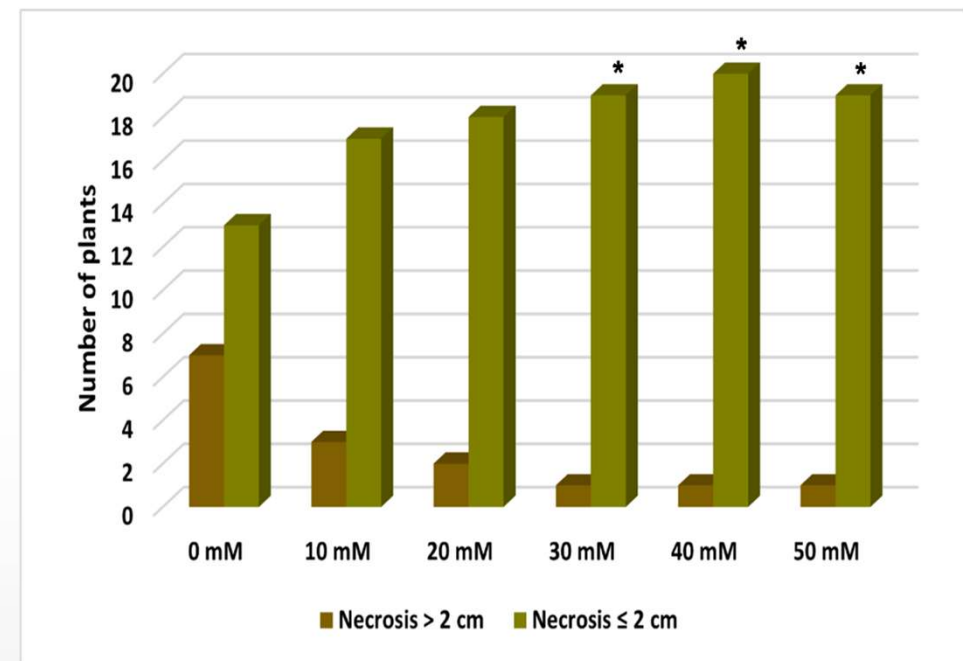
ORIGINAL ARTICLE



Exploring the interaction between aminobutyric acid and epigenetics in modulating ash dieback response in european ash (*Fraxinus excelsior*)

Hans Hoenicka¹  · Susanne Bein¹ · Marta Starczak²  · Daniel Gackowski² 

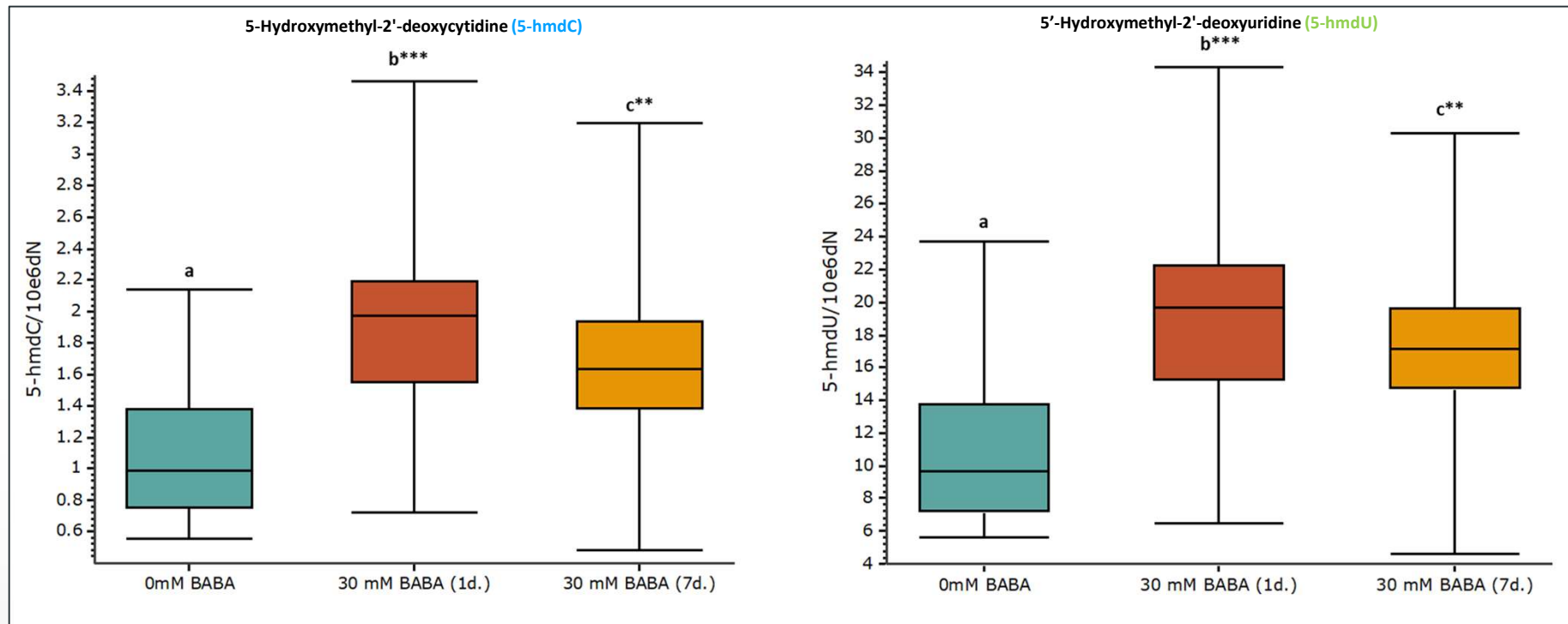
BABA steigert die Toleranz gegenüber dem Eschentriebsterben bei der Gemeinen Esche



Stress tests with BABA-treated seed-derived ash seedlings. Plants were inoculated with Hfr 48 h after treatments with BABA. The length of stem necrosis (right) was measured in each plant 5 months after inoculations (a). $n = 20$. Statistical tests: Chi-square tests with Yates' continuity correction on 2×2 contingency tables, carried out for each BABA concentration comparing necrosis size groups. Necrosis size groups: necrosis ≤ 2 cm or > 2 cm (5 months after inoculations). Significant differences ($*p < 0.05$).

Hoenicka et al., 2024 Journal of Plant Diseases and Protection, 131:1427–1439 1437

BABA-Behandlung erhöht die Konzentrationen epigenetischer Marker in der Eschen-DNA



Epigenetic changes promoted by 30 mM BABA in ash. Treatments were carried out by drenching and spraying two-year-old ash seedlings with BABA. Statistical tests: a parametric (one-way ANOVA and multiple comparisons of Tukey) or a non-parametric (Kruskal–Wallis test and multiple comparisons of Nemenyi) test were used. Statistically significant differences ($p < 0.05$) are shown with different letters above groups. P-values respect to control are shown: * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$. $n = 22-33$

Hoenicka et al., 2024 Journal of Plant Diseases and Protection, 131:1427–1439 1437

Epigenetic markers: confirmed, potential.

Epigenetische Veränderungen wurden mittels reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) in Kombination mit sensitiver Massenspektrometrie analysiert

Mikrobiom- und Epigenomcharakterisierung von anfälligen und toleranten Ulmen



Wych Elm (*Ulmus glabra*)
(Ulmensterbenanfällig)



Chinese Elm (*Ulmus parvifolia*)
(Ulmensterben-Tolerant)

Versuchsdesign



Wych Elm
(*Ulmus glabra*)



Chinese Elm
(*Ulmus parvifolia*)

(Co-cultivated Seedlings)



Field Trial

EPIGENETIC

(Epigenome, Epitranscriptome)

-Reversed-phase ultra-performance liquid chromatography (UPLC) coupled with sensitive mass spectrometry

N:15

-Genome Sequencing

N:9



DNA and RNA Isolation

MICROBIOME

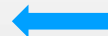
(Mycobiome, Bacteriome)

Metabarcoding

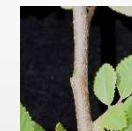
Amplicon-Sequencing (Illumina)

MiSeq V3 (2 x 300 bp) - 10 M read pairs

N:12



DNA Isolation



Tissue samples

Microbiome: Cambium (surface-sterilized)
Epigenetic: Leaves



Danksagung

Thünen: Wissenschaftler/Labor

- Kristina Ulrich, Ben Bubner, Wolfgang Graf
- Susanne Bein, Charlotte Haffner, Marlis Karaus

Thünen: Gärtnerei, Feldversuch

Sabine Mirka Benischek, Matthias Wellern, Maike Voß, Swantje Jackeschky, Monika Spauszus, Silke Friedrich, Jürgen Beiermeister

Kooperationen

- Daniel Gackowski, Marta Starczak
Nicolaus Copernicus University / Polen
- Andreas Ulrich
The Leibniz Centre for Agricultural Landscape Research (ZALF, Müncheberg)

Projektförderung





Vielen Dank