

GREGOR MENDEL GESELLSCHAFT WIEN
Universität für Bodenkultur
Institut f. Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung IPP
Gregor Mendel Straße 33, A-1180 Wien



Wien, im Oktober 2013
EINLADUNG zur
JAHRESHAUPTVERSAMMLUNG

Zeit: 10. Dezember 2013 um 17 Uhr c.t.

Ort: 1180 Wien, Gregor Mendel-Strasse 33,
Hörsaal XV, Liebig-Haus, 3. Stock

Tagesordnung:

1. Begrüßung
2. Vortrag unseres kooptierten Vorstandsmitglieds
**Dipl.-Ing. Dr. Berthold Heinze, Abteilungsleiter Genomforschung,
Institut für Waldgenetik, BFW, spricht über
„Jenseits von Mendel? Wie Waldbäume komplexe Eigenschaften
entwickeln und sich an wechselnde Klimabedingungen anpassen“**
3. Bericht des Präsidenten
4. Bericht des Geschäftsführers
5. Vorschau 2014
6. Allfälliges

Freunde und Gäste der GMGW sind herzlich willkommen!

**Bitte beachten Sie auch allfällige Nachrichten und Berichte zu
Vereinsaktivitäten auf www.gregormendelgesellschaft.at**

Den Mitgliedsbeitrag von 18 € für 2013 allenfalls zuzüglich einer Spende in der
Höhe Ihrer Wahl überweisen Sie bitte an
DI Josef Schmidt Konto Nr. 52061087445 bei BankAustria BLZ 12000
IBAN AT22 1200 0520 6108 7445 BIC BKAUATWWEIS
mit Verwendungszweck GMGW bzw. Kundendaten „2013“ (Beitragsjahr).

Besten Dank für Ihre Unterstützung!

Mit freundlichen Grüßen

Univ.Prof.Dr.DI Johann Sölkner
Montleartstrasse 74/2/12
A-1160 Wien
01 47654 3271 (Präsident)

DI Josef Schmidt
Obeliskgasse 4
A-7000 Eisenstadt
0664 8157826 (Geschäftsführer)
josef.schmidt@ait.ac.at

Dipl.-Ing. Dr. Berthold Heinze

Abteilungsleiter (Genomforschung), Institut für Waldgenetik,
Bundesforschungszentrum für Wald BFW

Akademische Titel

Dipl.-Ing., Lebensmittel- und Biotechnologie; Universität für
Bodenkultur, Österreich (1990)
Dr., Bodenkultur / Pflanzenmolekulargenetik; Universität für
Bodenkultur, Österreich (1994)

Fachlicher Ansprechpartner/in für:

Biotechnologie von Bäumen -- DNA-Analysen --

Zuständigkeitsbereich am BFW

Genomforschung, Forstpflanzenzüchtung

Fachkenntnisse & Forschungsinteressen

Molekularbiologie von Bäumen; Genomforschung;
Forstpflanzenzüchtung; Molekulargenetik; Biotechnologie

Studienaufenthalte im Ausland

1991-1992 [Unilever Research Colworth Laboratories, Sharnbrook \(Bedford\)](#) ; Bedford;
Großbritannien

Lehrtätigkeit

[Fachhochschule Campus Wien](#); Molekulare Genetik ; Wien; Österreich;

Mitarbeit bei wissenschaftlichen Zeitschriften

[Canadian Journal of Forest Research](#) ; Kanada; Mitherausgeber, Forstgenetik,
Molekulargenetik und Biotechnologie

[Forestry](#) ; Großbritannien; Mitherausgeber (Forest Genomics)

[Centralblatt für das gesamte Forstwesen - Austrian Journal of Forest Science](#) ; Österreich;

Mitglied des Editorial Advisory Board

[Tree Genetics and Genomes](#) ; Vereinigte Staaten (USA); Begutachter von Manuskripten

[Molecular Ecology](#) ; Großbritannien; Begutachter von Manuskripten

Mitgliedschaft in wissenschaftlichen Gesellschaften & Vereinen

[Alpine Forest Genomics Network \(AForGeN\)](#) ; Italien; Vorsitzender

[CambiaRare e.V.](#); Deutschland, Vorstandmitglied

Sonstige wissenschaftliche Tätigkeiten

[Genome Canada](#) / Montreal; Kanada; Mitglied des Review Panel, Competition III

Directorate-General for Research and Innovation (European Commission), Belgien;

Begutachter von Projektvorschlägen (Panel Member)

[Biotechnology and Biological Sciences Research Council](#), Großbritannien; Begutachter von
Projektvorschlägen (Panel Member)

Zum Vortrag

Nur in wenigen Fällen konnten bisher morphologische Merkmale und Wachstumscharakteristiken von Waldbäumen auf einfache Mendelsche Vererbung zurückgeführt werden. Andererseits vermitteln derzeit analysierbare (oft anonyme) genetische Marker zwar ein gutes Bild für die Überprüfung populationsgenetischer Theorien und zeigen völlig reguläre Vererbung, aber wenig Korrelation mit Wuchs und Ausformung.

Dennoch wurde in Provenienzversuchen seit Dekaden klar nachgewiesen, dass die Anpassung an unterschiedliche Umwelten in diesen Bäumen erblich mitbedingt ist. Auch ohne verwertbare Kreuzungsversuche über mehrere Generationen konnten diese Phänomene am besten mit polygenen Modellen erklärt werden. Wie komplex aber sind die augenscheinlichen Gen-Netzwerke, welche die Vererbung in Waldbäumen kontrollieren? Und wie lassen sich populationsgenetische Aspekte wie der Einfluß des Klimawandels auf die Selektion in langen Lebenszyklen, weiträumiger Genfluß und überlappende Generationen mit unserem Verständnis Mendelscher Vererbung vereinbaren? Neue Ergebnisse zu natürlichen Pappelhybriden haben unser Wissen über diese Gen-Netzwerke erweitert und erlauben eine Hypothese zur Vereinbarung der scheinbar widersprüchlichen Beobachtungen.

