

# Abschlussbericht NAP 03-58

---

## Kombination aus ex-situ Erhaltung und on-farm Management Schweizer Maislandsorten auf der Basis einer Kernkollektion

Freitag Niclas

1/31/2011



Die Charakterisierung der Kernsammlung Schweizerischer Maislandsorten wurde mit Hilfe molekularer und morfo-physiologischer Merkmale durchgeführt. Die Ergebnisse aus den Labor-, Feld- und Klimakammeranalysen ergaben eine hohe genetische Vielfalt, regionsspezifische Phänotypen, und liessen die Identifikation kühetoleranter Landsorten zu. In dem hier vorliegenden Bericht werden die Hauptergebnisse zusammenfassend beschrieben, wobei die detaillierte Ausführung der Feldversuche, Klimakammerbedingungen sowie die statistische Auswertung in den bereits eingereichten NAP Zwischenberichten, oder in dem beiliegenden Prüfungsexemplar der Dissertation (vorläufiges, formal noch zu bearbeitendes Exemplar) nachgeschlagen werden kann.

## Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung und Zielsetzung .....	2
2. Zusammenfassung der Dissertation:.....	3
3. Erledigte Arbeiten .....	5
3.1. Beginn des Doktorats Juli 2007 .....	5
3.2. Aktivitäten zur Charakterisierung der Kernsammlung .....	5
3.3. Die Ergebnisse der molekulare Analysen.....	7
3.4. Die Morphologie und Kühletoleranz Schweizer Maislandsorten .....	8
4. Allfällige Probleme .....	9
5. Allgemeine Schlussfolgerungen.....	9
6. Öffentlichkeitsarbeit.....	10
7. Danksagung.....	10
8. Literaturangaben .....	11
9. Anhang mit Grafiken und Tabellen .....	12

## 1. Einleitung und Zielsetzung

Christoph Kolumbus brachte die ersten Maissorten bereits 1493 nach Europa. Hierbei konnte es sich jedoch nur um einen Bruchteil der ursprünglich existierenden Vielfalt mittelamerikanischer (karibischer) Maislandsorten handeln, die durch weitere Importe von Mittel-, Süd- und Nordamerika verbreitert wurde. Nach heutigem Wissensstand war die Vermischung von karibischem Material mit den an Kühle adaptierten Maissorten Nordamerikas für die schnelle Verbreitung von Mais auf dem europäischen Kontinent ausschlaggebend (Überblick in Dubreuil et al. 2006). Sowohl die Selektion auf Kühletoleranz (Rebourg et al. 2001; Dubreuil et al. 2006), als auch die bevorzugte Verkreuzung von adaptierten 'Northern Flints' mit frühreifen 'Corn Belt Dents' in der europäischen Hybridzüchtung, führten zu einer Einengung der genetischen Basis (Hallauer 1990).

Da der Maisanbau für die Schweiz bereit für 1571 belegt ist (Dissertationsschrift Eschholz 2008, ETH NO. 17715), kann davon ausgegangen werden, dass sich seit annähernd 500 Jahren einzelne Maissorten durch den fortwährenden Anbau an die lokalen Bedingungen angepasst haben. Dem frühzeitigen Einsammeln und Lagern (beginnend in 1930) ist es zu verdanken, dass sich derzeit 180 Schweizer Maislandsorten in der Nationalen Genbank (Agroscope Changins-Wädenswil ACW, Changins) befinden, die die von Landwirten gepflegte Diversität schweizerischer Maislandsorten widerspiegeln.

Diversität (Variation in den Merkmalen) ist essentiell für die fortwährende Verbesserung und Weiterentwicklung aktueller und zukünftiger Sorten, sodass der Erhaltung alter Landsorten als pflanzen genetische Ressource eine zentrale Rolle in der Bereitstellung dieser Diversität beigemessen werden kann (Edwards und Leng, 1965).

Aus diesem Grund wurden folgende Ziele definiert: (i) die enthaltene und erhaltene genetische Diversität und Verwandtschaft innerhalb der Kernsammlung Schweizerischer Maislandsorten zu untersuchen und diese in einen internationalen Kontext zu stellen, um so herausfinden zu können, ob das Schweizer Material einen Beitrag zur Verbreiterung des nördlichen Flint Pools leisten könnte, des Weiteren um (ii) kühletolerante Maislandsorten zu identifizieren, die die Jugendvitalität von modernen Hybriden in puncto Sprossbiomass und Photosyntheseleistung unter Kühlestress übertreffen, und gerade deshalb interessant für Züchtungsvorhaben sind, (iii) regionsspezifische Phänotypen zu identifizieren, die eine erste und einfache Klassifizierung erlauben und die genetischen Resultate unterstützen und iv) eine detaillierte Beschreibung der Kernsammlung ermöglichen, damit die langfristige Erhaltung für eine möglichst effiziente Nutzung als pflanzen genetische Ressource gewährleistet ist.

## 2. Zusammenfassung der Dissertation:

In der hier vorliegenden Studie wurde eine für die Schweiz repräsentative (Kern-) Sammlung autochthoner Maislandsorten charakterisiert; die aus 35 Akzessionen bestehende Kernsammlung wurde kürzlich aus einer Gesamtheit von 168 Akzessionen gebildet. Mit Hilfe von molekularen Analysen konnte eine hohe genetische Diversität ( $H_T = 0.61$ ) sowie verwandtschaftliche Gruppierungen innerhalb dieser Sammlung aufgezeigt werden. Dabei ergab sich eine hohe Übereinstimmung zwischen den genetischen Gruppierungen und den Sammelorten der Schweizer Maislandsorten. Insgesamt konnte zwischen vier verschiedenen Gruppierungen unterschieden werden; zwei Gruppen mit nördlichen Landsorten (aus dem Rhein- und Linthtal), eine mit südlichen Landsorten (aus dem Tessin und Puschlav) sowie eine Gruppierung mit Landsorten des Wallis (zentralalpines Tal der Schweiz). Letztere Gruppe zeichnete sich durch eine besonders geringe Diversität mit hoher genetischer Differenziertheit gegenüber Gruppen der anderen Landsorten aus. Möglicherweise sind die Landsorten des Wallis aus der Hybridisierung zweier unterschiedlicher Genpools hervorgegangen, wobei der fehlende Austausch mit benachbartem Material zu einer weiteren Differenzierung geführt haben kann. Eine weitere Erklärung für diese Differenzierung besteht in der Tatsache, dass wenige Landsorten aus dem Wallis zu einem späteren Zeitpunkt gesammelt worden sind und deshalb eine geringere Diversität und die beschriebene Differenzierung gegenüber den anderen Landsorten aufweisen.

Durch die kombinierte Analyse der Schweizer Kernkollektion zusammen mit einer international repräsentativen Sammlung von Maislandsorten (siehe Rebourg et al., 2003 und Dubreuil et al., 2006) war es möglich, verwandtschaftliche Beziehungen zwischen Schweizer Maislandsorten und internationalen Genpools nachzuweisen. Hierbei konnte zum einen die Aufteilung zwischen den Schweizer Maislandorten bestätigt, zum anderen die Verwandtschaft zwischen den Südschweizer (Tessiner) Landsorten und jenen des „Italian-Orange-Flint Pools“ (Rebourg et al. 2001) sowie zwischen Nordschweizer Landsorten und den „North American Flints“ aufgezeigt werden. Im Rahmen der kombinierten Analyse bestätigte sich zudem die hohe genetische Diversität der Schweizer Maislandsorten. Dies wurde durch die Identifizierung von mehreren schweizspezifischen Allelen untermauert, die vermehrt in den Landsorten nördlicher Herkunft vorhanden waren. Die Verwandtschaft zwischen den Northern Flints und einigen Schweizer Maislandsorten könnte von züchterischem Interesse sein, da die hohe Diversität innerhalb des Schweizer Materials sowie die weite Verwandtschaft zu den Northern Flints eine Möglichkeit zur Erweiterung des Europäischen Flint Genpools darstellt.

Anhand ausgewählter phänotypischer Merkmale wurden eine hohe Diversität und Einzigartigkeit der Kernsammlung Schweizer Maislandsorten sowie eine Differenzierung zwischen nördlichen und südlichen Maistypen festgestellt. So liessen sich phänotypische Ähnlichkeiten zwischen Nordschweizer und nordosteuropäischen Maissorten sowie zwischen Südschweizer und südeuropäischen Maislandsorten feststellen. Der ursprüngliche, züchterisch wenig optimierte Phänotyp mancher Schweizer Landsorten zeigte sich anhand von Kolben mit doppelreihigen Körneranlagen, langen Lieschblättern, Bestockungsneigung, einer grossen, schweren und verästelten Rispenmorphologie sowie teilweise sehr geringem Wuchs vor allem in Maissorten, die nördlich der Alpen gesammelt wurden. Die Beschreibung dieses Phänotyps datiert bereits in die Mitte des 16. Jahrhunderts in Europa. Maissorten der südschweizer Sammelorte zeichneten sich durch einen späteren Blühzeitpunkt, eine hohe Anzahl von Kornreihen pro Kolben mit kleinen Körnern und einer kleineren, aufrechten Rispe aus. Die morphologischen Merkmale zur Unterscheidung von offen abblühenden Sorten unterschieden sich teilweise von den Empfehlungen des Internationalen Verbandes zum Schutz von Pflanzenzüchtungen (UPOV); wobei vor allem die Bedeutung der Rispenarchitektur zur morphologische Differenzierung zwischen den Landsorten hervorzuheben ist. Die morphologische Charakterisierung bestätigte somit die genetischen Analysen in Bezug auf Diversität und Differenziertheit zwischen den Landsorten sowie in Bezug auf die Unterscheidbarkeit zwischen verschiedenen europäischen Populationen.

Die fortwährende Anpassung Schweizer Maislandsorten an die kühlen klimatischen Anbaubedingungen der Schweiz hat eine hohe Variabilität hinsichtlich der Kühletoleranz der Landsorten hervorgerufen. In Klimakammerversuchen wurden temporäre Kälteeinbrüche während der Jugendentwicklung, die typisch für den Maisanbau in gemässigten Breiten sind, simuliert. Dabei konnte zwischen zwei unterschiedlichen Mechanismen zur Kühletoleranz unterschieden werden: Nördliche Maislandsorten zeigten einen robusten Wuchs und eine hohe Photosyntheseaktivität. Die Vitalität und Biomasseproduktion einiger dieser Landsorten überstiegen sogar jene der Vergleichshybriden. Hingegen wiesen Südschweizer Akzessionen eine stärkere Wachstumsreduktion sowie eine höhere Schädigung des Photosyntheseapparates auf. Diese starke Wachstumsreduktion liess sich teilweise durch ein rasches Wachstum nach der Kühleperiode kompensieren, was in einigen Fällen zu hoher Biomasse und Photosyntheseleistung führte.

Aufgrund der vorliegenden Ergebnisse kann sowohl von einer hohen Diversität als auch von einem hohen Wert der Kernsammlung Schweizer Maislandsorten als genetische Ressource für nachfolgende Forschungs- und Züchtungsvorhaben ausgegangen werden. Die Veröffentlichung dieser detaillierten Beschreibung auf [www.bdn.ch/lists/core.collection.maize](http://www.bdn.ch/lists/core.collection.maize) ermöglicht sowohl den Vergleich mit weiteren Studien als auch die Identifikation von wünschenswerter Variation für pre-breeding Programme. Des Weiteren können diese Daten für eine optimale Erhaltung der genetischen Ressource 'Schweizer Maislandsorte' eingesetzt werden.

### **3. Erledigte Arbeiten**

#### **a. Beginn des Doktorats Juli 2007**

Die Kernsammlung Schweizerischer Maislandsorten wurde basierend auf der D-Allokationsmethode (Franco et al. 2006) definiert und 2007 auf der institutseigenen Versuchstation Lindau-Eschikon vermehrt. Die Vermehrung erfolgte durch gezielte Bestäubung innerhalb der jeweiligen Landsorten, sodass Fremdbestäubung ausgeschlossen werden konnte. Die hierbei gesammelten Daten (z.B. Photographien der Kolben) ergaben einen ersten Eindruck der vorhandenen Diversität, wobei sich einzelne Kolben als Anschauungsmaterial für die Vermittlung der Vielseitigkeit Schweizerischer Maislandsorten sehr gut eigneten (siehe Öffentlichkeitsarbeit). Das bei der Vermehrung gewonnene Saatgut sollte den Saatgutbedarf für die anstehenden Feld- und Klimakammerversuche sowohl für dieses, als auch für das Parallelprojekt NAP03-57 von David Schneider, decken. Um die verschiedenen Regionen des Schweizer Maisanbaus besser abdecken zu können, wurde auf Anraten von Matthias Menzi (Agroscope ART, Reckenholz) eine weitere Landsorte (AR138, Vorderes Rheintal) der Kernsammlung hinzugefügt.

#### **b. Aktivitäten zur Charakterisierung der Kernsammlung**

Die genetische Charakterisierung der Kernkollektion mit Hilfe von 35 molekularen Markern erfolgte 2008 am Internationalen Züchtungszentrum für Mais und Weizen (CIMMYT, Mexiko). Die grosse Expertise bei der Umsetzung von internationalen Diversitätsstudien (u.a. Warburton et al. 2002; Dubreuil et al. 2006), das Nutzen der dortigen Infrastruktur (Laboratorium, Personal und fachliche Betreuung) sowie die anschliessende Kooperation zwischen CIMMYT und der ETH, ermöglichten eine Vergleichbarkeit zu anderen, internationalen Studien (u.a. zu Rebourg et al. 2001; 2003; und Dubreuil et al. 2006).

Durch die Kombination dieser Daten mit einer international repräsentativen Sammlung des Nationalen Agrarforschungsinstituts (INRA, Le Moulon, Frankreich) konnten detailliertere Erkenntnisse bezüglich Verwandtschaft und Diversität der Schweizer Maissorten gewonnen und in einen internationalen Zusammenhang gestellt werden.

Die Feldversuche zur Untersuchung der Kühletoleranz Schweizer Maislandsorten erfolgte unter Frühsaatbedingungen (Aussaat 28.04.2008) und zu regulären Saatbedingungen (22.05.2008) auf der Versuchsstation Lindau-Eschikon. Die visuelle Beurteilung der Jugendvitalität zwischen dem 3- und 6 Blattstadium, sowie die Sprossbiomasse, der Chlorophyllgehaltes der Blätter (SPAD) und die Effizienz des Photosystems II gelten als Indikator für allfällige Schäden durch Kältestress. Diese Merkmale wurden wiederholt erhoben. Das Anlegen eines zweiten Versuches im St. Gallischen Rheintal (Landwirtschaftliches Zentrum Rheinhof, Salez) sollte im Fall unerwarteter Probleme (z.B. Hagel, Sturm, Verschlämmung) als Ausweichversuch dienen. Das Ausbleiben von länger anhaltenden, kühlen Temperaturen machte eine Auswertung der Daten nicht zweckdienlich, zumal die detaillierten Feldversuche des Parallelprojektes NAP03-57 einige Sorten der Kernsammlung abdeckten und unter verschiedensten agronomischen Umwelten untersuchten. Aufgrund dessen wurde von einer Wiederholung der Feldversuche zugunsten einer detaillierteren Klimakammerstudie unter kontrollierbaren Temperaturen abgesehen. Zum Zwecke der phänotypischen Charakterisierung im Feld nach UPOV (Internationaler Verband zum Schutz von Pflanzenzüchtungen; [www.upov.int](http://www.upov.int)) und IPGRI (Internationales Institut für pflanzengenetische Ressourcen; [www.bioversityinternational.org](http://www.bioversityinternational.org)) wurden Feldversuche angelegt und ausgewertet (siehe auch NAP Berichte Februar 2008 und März 2009). Hierfür wurde die Kernsammlung auf der Feldversuchsstation in Lindau-Eschikon am 06.05.2008 ausgesät und anhand 20 ausgewählter morphologischer Merkmale, die an 30 bis 60 Einzelpflanzen pro Landsorte erhoben wurden, phänotypisch klassifiziert.

Die Untersuchung der Kühletoleranz der Kernsammlung erfolgte unter regulierbaren Klimakammerbedingungen im Vergleich zu fünf modernen Hybriden mit erwiesener Kühletoleranz. Zwischen dem Ein- und Zweiblattstadium wurden die Temperaturen auf 14/12°C (Tag/Nacht) gesenkt, um anschliessend, zwischen dem Zwei- und Dreiblattstadium, wieder auf optimale 25°C erhöht zu werden. So sollte neben der Kältetoleranz auch die sich anschliessende Erholung getestet werden. Zu jeder der drei Entwicklungsstadien (Ein-, Zwei- und Dreiblattstadium) wurde der Chlorophyllgehalt (SPAD) sowie die Sprossbiomasse an sechs Pflanzen pro Maislandsorte, Erntetermin und Temperaturregime erhoben.

### c. Die Ergebnisse der molekulare Analysen

Die Diversität innerhalb (Tabelle 1), sowie die verwandtschaftlichen Verhältnisse zwischen den Maissorten der verschiedenen Schweizer Herkunftsregionen (Vorderes- und Hinteres Rheintal, Linthebene, Tessin, Puschlav und Wallis) wurden anhand der molekularen Daten berechnet (Abbildung 1, siehe Anhang). Akzessionen, die nördlich der Alpen gesammelt wurden unterschieden sich dabei deutlich von jenen, die südlich der Alpen gesammelt wurden. Gegenüber Eschholz et al. (2010) ergaben die verwandtschaftlichen Analysen neben der Nord-Süd Differenzierung eine zusätzliche Gruppierung die ausschliesslich aus Landsorten des Wallis stammten. Diese zeichneten sich durch geringere Diversität ( $H_S$ ) und hohe genetische Differenzierung ( $F_{ST}$ ) gegenüber den anderen Sorten aus. Als mögliche Ursache hierfür kann eine Hybridisierung zwischen zwei unterschiedlichen Genpools innerhalb der Schweiz in Erwägung gezogen werden; es ist jedoch vorstellbar, dass diese explizite Stellung der Walliser Landsorten auf der späteren Sammlung dieser Sorten beruht. Einige Nordschweizer Akzessionen zeichneten sich durch besonders hohe genetische Diversität und Durchmischung mit anderen Nordschweizer Landsorten aus, was auf eine erfolgreiche Vermehrung der Kernsammlung und regelmässigen Saatgutaustausch zwischen benachbarten Regionen schliessen lässt. Des Weiteren ermöglichten es die Analysen bei einzelnen Tessiner Landsorten einen sehr ähnlichen Genotypen (ein Duplikat) zu identifizieren. Ursache hierfür kann doppelt eingelagertes Saatgut sein, es bedarf jedoch einer phänotypischen Bestätigung (Vergleichsanbau im nächsten Vermehrungszyklus) um dieses Ergebnis zu verifizieren.

Durch die Kombination der molekularen Daten konnte die gemeinsame Verwandtschaft zwischen den Nordschweizer Maissorten und northern Flints aus Nordeuropa und Nordamerika nachgewiesen werden (Abbildung 2, siehe Anhang). Südschweizer Landsorten wiesen eine hohe genetische Verwandtschaft zu südeuropäischen Sorten auf; insbesondere zu jenen des Italian Orange Flints (Rebourg et al. 2003). In dem internationalen Vergleich konnte sowohl eine sehr hohe, als auch eine extrem geringe Diversität bei einigen Nordschweizer Maislandsorten festgestellt werden, wobei sich die Südschweizer Landsorten durch eine im Durchschnitt höhere Diversität auszeichneten. Des Weiteren konnten 19 Schweiz spezifische Allele identifiziert werden, wobei sich 10 davon ausschliesslich in Nordschweizer Akzessionen der Gruppe B akkumulierten (Abbildung 1 und 2, siehe Anhang).

#### **d. Die Morphologie und Kühletoleranz Schweizer Maislandsorten**

Die Auswertung der morphologischen Charakterisierung bestätigte die genetische Aufteilung zwischen Nord- und Südschweizer Maissorten. Ähnlich der genetischen Klassifizierung, konnte anhand der morphologischen Merkmalen eine Unterteilung Schweizer Maislandsorten in drei verschiedene Gruppierungen erfolgen (Abbildung 3, s. Anhang). Die zwei nördlichen Gruppen, sowie die Gruppe mit Südschweizer Landsorten, bestätigten die genetische Differenzierung des Materials in Abbildung 1. Nordschweizer Landsorten wiesen eine hohe Bestockungsneigung, lange Lieschblätter und teilweise geringen Wuchs bei früher Blüte auf. Die Position der Walliser Landsorten ist erneut hervorzuheben, da sich diese durch eine eigene, in sich geschlossene Gruppierung innerhalb der nördlichen Landsorten abhoben. Sie zeichneten sich zumeist durch lange Fahnen mit langen, dünnen Kolben aus, die aufgrund ihrer Doppelreihigkeit wenig Kornreihen pro Kolben erbrachten. Südschweizer (v.a. Tessiner) Maislandsorten hingegen waren durch ihren hohen Wuchs, die späte Blüte an kurzen und aufrechten Fahnen, sowie durch eine hohe Anzahl Kornreihen pro Kolben gekennzeichnet. Der Vergleich zu anderen Studien ergab eine übereinstimmende Morphologie zwischen Nordschweizer und Nordeuropäischen (Rebourg et al. 2001; Leng et al. 1962), sowie zwischen Südschweizer und Südeuropäischen Landsorten (Gautier et al. 2002; Leng et al. 1962).

Die Ergebnisse der Klimakammerstudie bestätigten die ursprünglich definierten Hypothesen, wonach von einer erhöhten Kühletoleranz Nordschweizer Landsorten ausgegangen werden kann. Einige Landsorten zeichneten sich sowohl durch hohe Kühletoleranz, als auch durch eine schnelle Erholung nach einem Kälteeinbruch aus. Auffallend war hierbei, dass diese Nordschweizer Akzessionen beide Mechanismen kombinieren konnten. Ausnahme hiervon war eine Südschweizer Akzession, die ihre mässige Kühletoleranz durch eine besonders gute Erholung nach dem Kälteeinbruch kompensieren konnte (Abbildung 4, Anhang). Die modernen Hybriden waren den Landsorten nicht eindeutig überlegen, was den Wert und möglichen Nutzen der Kernsammlung als pflanzen genetische Ressource verdeutlicht.

#### **4. Allfällige Probleme**

Die im Projektbescrieb angeführten detaillierten Feldversuche wurden aufgrund ausbleibender Kälte im Jahr 2008 zugunsten vertiefter molekularer und morphologischer Analyse durch die Simulation von Kälteeinbrüchen unter kontrollierten Bedingungen in den Klimakammern ersetzt.

Die kombinierte Analyse der verwandtschaftlichen Verhältnisse zwischen Schweizer und weltweit gesammelten Landsorten wurde aufgrund unterschiedlicher Markerprofile der Kontrollpopulationen durch den Ausfall eines Drittel der Marker erschwert. Dennoch konnten die verwandtschaftlichen Verhältnisse dargestellt und die formulierten Ziele und Hypothesen beantwortet werden.

#### **5. Allgemeine Schlussfolgerungen**

Anhand phänotypischer und molekularer Marker konnte eine hohe genetische und morpho-physiologische Diversität der Kernsammlung Schweizerischer Maislandsorten festgestellt werden. Aufgrund der Vergleichbarkeit der Resultate mit anderen Studien, konnte eine detaillierte Beschreibung als Voraussetzung für eine effiziente Erhaltung, Management und Nutzung genetischer Ressourcen gewährleistet werden damit weitere Untersuchungen oder Forschungsvorhaben durchführbar sind. Somit konnten vorangegangene Erkenntnisse ergänzt und die Aussagekraft im Vergleich zu internationalen Sammlungen von Maissorten verbessert werden.

Die Konstitution der Schweizer Kernsammlung ist bemerkenswert, da sich, neben einer hohen Diversität, auch die Differenzierung zwischen Genpools in dieser vergleichbar kleinen Kernsammlung wiederfinden lässt. Somit stellt diese Kernsammlung einen interessanten Ausgangspunkt für Forschungs- und Züchtungsvorhaben dar, auch aufgrund der zusätzlichen allelischen Variation, was deshalb zu einer Verbreiterung bzw. Verbesserung bestehender Merkmale des Europäischen Flintpools führen kann.

Anhand weniger morphologischer Merkmalen konnten regionsspezifische Phänotypen identifiziert werden. Im Speziellen ist hierbei auf die Bedeutung der Fahnenarchitektur zu verweisen, die einen grossen Anteil an der Unterscheidung zwischen Akzessionen der Kernsammlung beitrug. Grosse Fahnen mit langanhaltender Pollenproduktion können eine entscheidende Rolle in der Hybridproduktion darstellen, auf der anderen Seite indizieren kurze Fahnen eine reduzierte Apikaldominanz zum Vorteil der sich entwickelnden Kolben.

Durch das Hochladen der molekularen und morphologischen Daten auf (<http://www.bdn.ch/lists/core.collection.maize>) wurde sichergestellt, dass die Ergebnisse im Internet verfügbar und für Interessenten aus Forschung und Züchtung nutzbar sind.

## **6. Öffentlichkeitsarbeit**

Die während der Dissertation gewonnenen Ergebnisse wurden regelmässig einem wissenschaftlichen und nicht-wissenschaftlichem Publikum präsentiert. Einige der während der Versuchsjahre gesammelten Maiskolben wurden als Anschauungsmaterial der Öffentlichkeit vorgestellt

- Spezialitätenfest Wädenswil (13.09.2008)
- Nacht der Forschung Zürich (26.09.2008)
- Biodiversität in der Pflanzenproduktion – Tagung der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (GPW) in Göttingen (01.-02.10.2008)
- Nacht der Forschung Zürich (25.09.2009)
- Tagung der Schweizerischen Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (SGPW) in Changins (27.03.2009)
- Information für Studenten über die Charakterisierung und potentiellen Nutzen pflanzengenetischer Ressourcen im Rahmen des Nationalen Aktionsplanes (NAP) in Eschikon-Lindau (31.10.2008)
- IAESTE Konferenz Zürich (26.01.2010)
- Vortrag an der Green Plant Breeding Technologies Konferenz in Wien, Österreich (02.-05.02.2010)
- Öffentliche Disputation an der ETH Zürich (21.12.2010)
- Präsentation der Dissertationsergebnisse im Rahmen eines Züchterkolloquiums bei DSP – Delley, Samen und Pflanzen (26.01.2011)

## **7. Danksagung**

Dieser gilt zuerst dem BLW, das uns im Rahmen der NAP Projekte eine ausgezeichnete Plattform bot, die Landsorten detailliert zu untersuchen. Des Weiteren trugen auch dieses Mal zahlreiche technische Mitarbeiter und Hilfskräfte der Forschungsanstalten Lindau-Eschikon (u.a. Klimakammerversuche) und der ETH Zürich (statistische Auswertungen) zum Gelingen der Analysen bei. Auch ihnen sei an dieser Stelle herzlich gedankt.

## 8. Literaturangaben

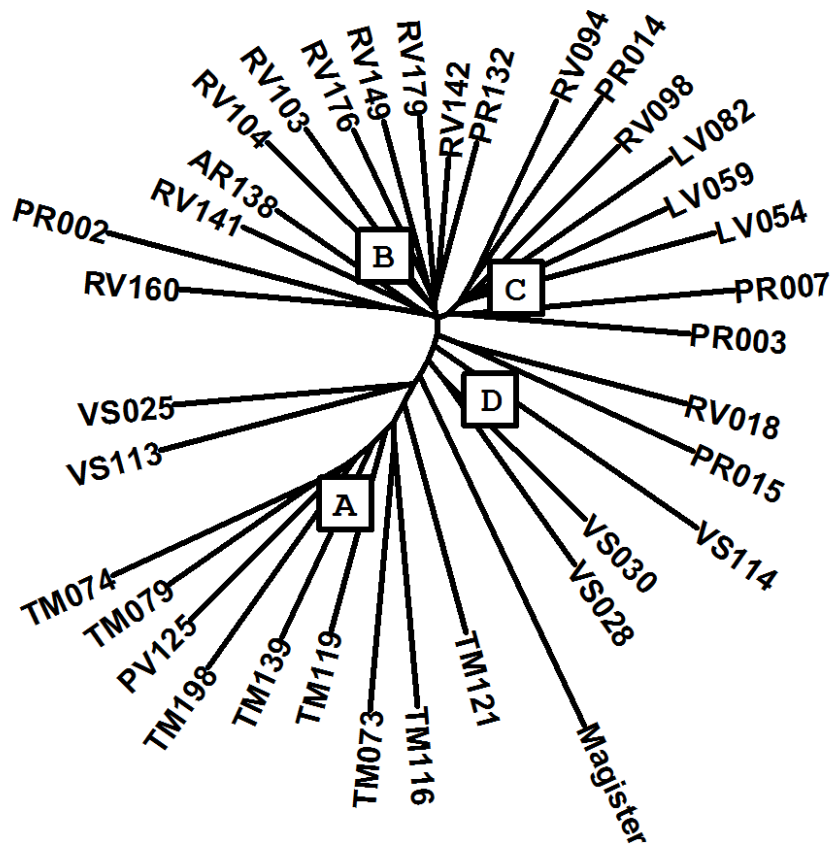
- Dubreuil P, Warburton M, Chastanet M, Hoisington D, Charcosset A (2006) More on the introduction of temperate maize into Europe : large-scale bulk SSR genotyping and new historical elements. *Maydica* 51: 281-291.
- Edwards RJ, Leng ER (1965): Classification of some indigenous maize collections from Southern and Southeastern Europe. *Euphytica*, 14, 161-169.
- Eschholz TW (2008) Genetic diversity and relationships of Swiss Flint maize (*Zea mays* L. ssp. *mays*) landraces. Diss ETH No. 17715.
- Eschholz TW, Stamp P, Peter R, Leipner J, Hund A (2010) Genetic structure and history of Swiss maize (*Zea mays* L. ssp. *mays*) landraces. *Genet Resour Crop Evol* DOI 10.1007/s10722-009-9452-0.
- Franco J, Crossa J, Warburton ML and Taba S (2006) Sampling Strategies for Conserving Maize Diversity When Forming Core Subsets Using Genetic Markers *Crop Sci.* 46:854–864.
- Gauthier P, Gouesnard B, Dallard J, Redaelli R, Rebourg C, Charcosset, Boyat A (2002) RFLP diversity and relationships among traditional European maize populations. *Theor Appl Genet* 105:91-99.
- Hallauer, A. R. (1990). Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 35, 1-16.
- Leng ER, Tavcar A, Trifunovic V (1962) Maize of Southeastern Europe and its potential value in breeding programs elsewhere. *Euphytica* 11:263–272.
- Rebourg C, Gouesnard B, Charcosset A (2001) Large scale molecular analysis of traditional European maize populations. Relationships with morphological variation. *Heredity* 86:574–587.
- Rebourg C, Gouesnard B, Welcker C, Dubreuil P, Chastanet M, Charcosset A (2003) Maize introduction into Europe: the history reviewed in the light of molecular data. *Theor Appl Genet* 106:895–903.
- Warburton ML, Xianchun X, Crossa J, Franco J, Melchinger AE, Frisch M, Bohn M, Hoisington D (2002) Genetic Characterization of CIMMYT Inbred Maize Lines and Open Pollinated Populations Using Large Scale Fingerprinting Methods. *Crop Sci.* 42:1832-1840.

## 9. Anhang mit Grafiken und Tabellen

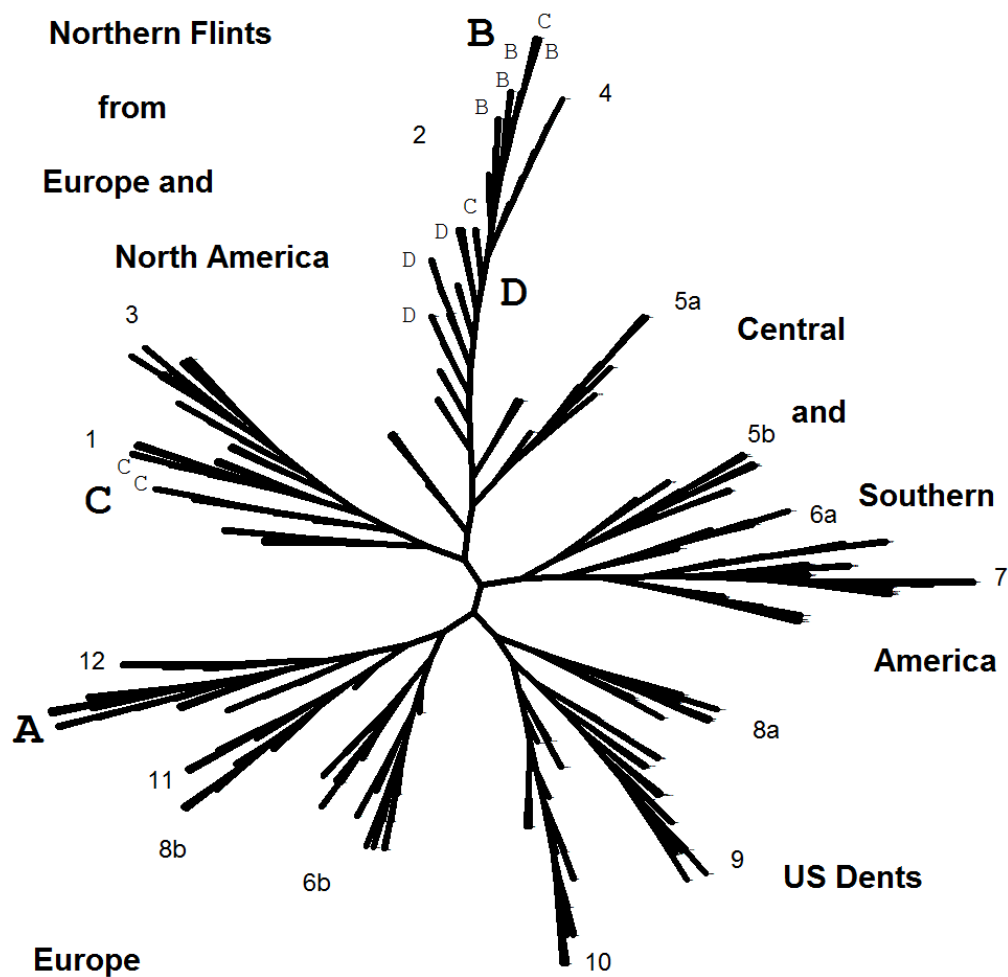
Die hier vorgestellten Ergebnisgrafiken und Tabellen sind Gegenstand aktueller Publikationen und sollten deshalb vertraulich behandelt werden. Vielen Dank für Ihr Verständnis.

**Tabelle 1:** Landsorten der Schweizerischen Kernsammlung, ihre Diversität ( $H_S$ ) sowie deren populationspezifische Differenzierung ( $F_{ST}$  Werte).  $H_T$ : Diversität bezogen auf Nord- und Südschweizer Landsorten bzw. bezogen auf die gesamte Kernsammlung. Standardabweichung ( $\pm$ ) wurde durch 1000-faches bootstrapping ermittelt.

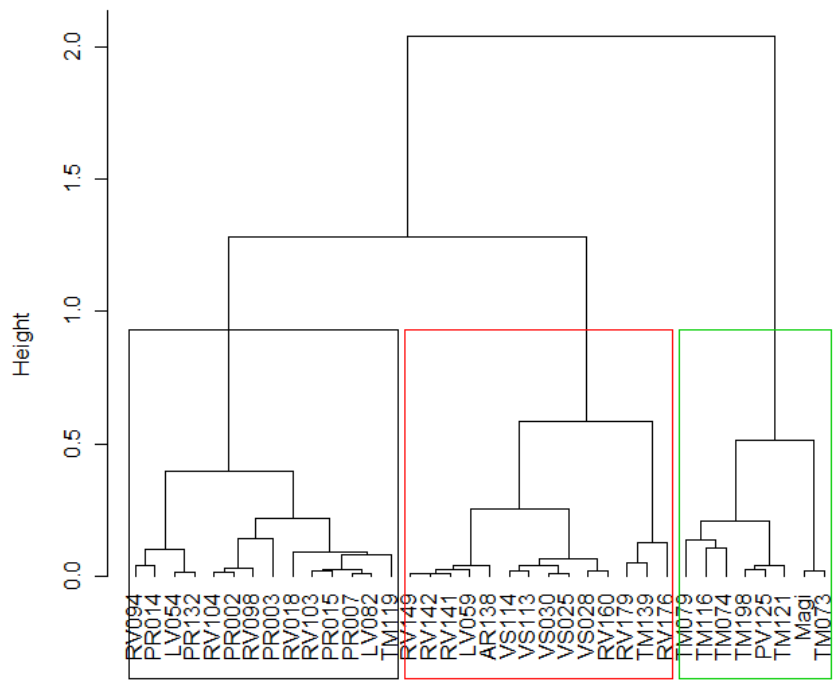
Akzession	$H_S / H_T$	$F_{ST}$
Nördliche Landsorten	$0.55 \pm 0.03$	
AR138	0.454	0.257
LV054	0.368	0.398
LV059	0.374	0.388
LV082	0.320	0.476
PR002	0.225	0.631
PR003	0.389	0.362
PR007	0.379	0.379
PR014	0.361	0.408
PR015	0.268	0.561
PR132	0.432	0.292
RV018	0.373	0.389
RV094	0.376	0.384
RV098	0.351	0.424
RV103	0.391	0.359
RV104	0.416	0.319
RV141	0.442	0.275
RV142	0.457	0.251
RV149	0.382	0.374
RV160	0.397	0.350
RV176	0.376	0.384
RV179	0.420	0.312
Südliche Landsorten	$0.57 \pm 0.03$	
PV125	0.402	0.341
TM073	0.323	0.470
TM074	0.343	0.438
TM079	0.399	0.347
TM116	0.332	0.455
TM119	0.431	0.294
TM121	0.338	0.447
TM139	0.398	0.347
TM198	0.453	0.257
VS025	0.397	0.349
VS028	0.359	0.412
VS030	0.321	0.474
VS113	0.324	0.469
VS114	0.290	0.525
Magister	0.381	0.376
Total	$0.61 \pm 0.02$	0.372



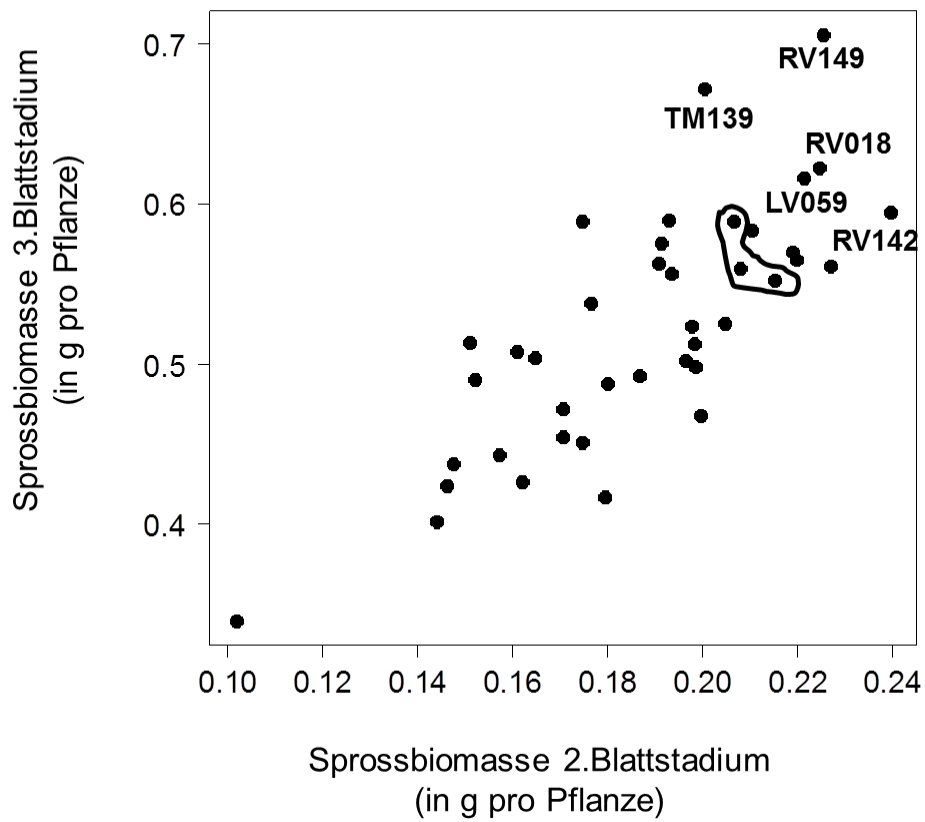
**Abbildung 1:** Genetische Verwandtschaft zwischen den Akzessionen der Schweizer Kernsammlung. Ward Gruppierungen basierend auf „Modified Roger's“ Distanzen. Einzelne Akzessionen gruppierten sich in die unterschiedlichen Gruppen A, B, C und D.



**Abbildung 2:** Genetische Verwandtschaft zwischen 293 Maislandsorten, beschrieben von Rebourg et al. (2001, 2003) und Dubreuil et al. (2006), und kombiniert mit der Kernsammlung Schweizerischer Maislandsorten. Die grossen, fetten Buchstaben beziehen sich auf die Gruppierungen der Schweizer Kernsammlung in Abbildung 1. Die kleineren Buchstaben verdeutlichen die Position von mindestens zwei Schweizer Akzessionen der Gruppen A, B, C oder D. Die Nummerierung bezieht sich auf den jeweiligen geographischen Sammelort der untersuchten Akzessionen. 1 und 2: Nordeuropäische Flints (Deutsche Flints und Nordosteuropäische Flints, respektive); 3 und 4: Nordamerikanische Flints. 5a/b: Zentral-, 6a/b: Karibische- und 7: Süd Amerikanische Maispopulationen. 8a/b: Pyrenäische Populationen, 9: Südliche, sowie Corn Belt Dents, 10: Französische und Spanische Flints. 11: Italian Orange Flints, und 12: Maissorten des Balkan.



**Abbildung 3:** Unterteilung der Schweizerischen Kernsammlung basierend auf morphologischen Unterschieden. Die drei Kästen verdeutlichen die verschiedenen Gruppen.



**Abbildung 4:** Populationsmittel der Sprossbiomassen nach Kälteeinbruch (2.Blattstadium) sowie nach der Erholungsphase (3.Blattstadium). Einzelne Namen der Landsorten sind angegeben wobei die Position der drei besten Vergleichshybriden umrandet ist.