

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

### **1. Einleitung und Zielsetzung:**

Eine Kernsammlung genetischer Ressourcen ermöglicht detaillierte phänotypische und molekulargenetische Untersuchungen, deren Resultate repräsentativ für eine grössere Sammlung sind. Um die Vielfalt genetischer Ressourcen zu erhalten und zu nutzen („Erhaltung durch Nutzung“), muss die eingelagerte Diversität in nachvollziehbarer und vergleichbarer Weise analysiert werden. In Zusammenarbeit mit dem internationalen Forschungszentrum für Mais- und Weizenzüchtung (CIMMYT, Mexiko), sowie dem französischen Institut für Agrarforschung (INRA, Frankreich) wurden Analysemethoden verwendet, die es ermöglichen die Diversität der Schweizer Kernsammlung mit internationalen Studien zu vergleichen.

Die Bedeutung der nördlichen Schweizer Maislandsorten in Bezug auf Frühsaatverträglichkeit und Jugendvitalität wurde schon früher erkannt (Peter et al. 2009). Frühe Aussaattermine im Maisanbau begünstigen eine rasche Jugendentwicklung und ermöglichen eine optimale Ausnutzung der für Mais eher kurzen Vegetationsperiode sowie eine frühe Blüte, idealerweise vor dem Einsetzen allfälliger Sommertrockenheit. Trockenstress während der Maisblüte kann zu beträchtlichen Ertragsverlusten führen. Nebst der genetischen und morphologischen Charakterisierung der Kernkollektion ist es deshalb von grosser Bedeutung die Reaktion der Kernkollektion auf Kühlestress präzise zu untersuchen.

Das Projekt hat zum Ziel, die Diversität der Kernkollektion zu beziffern und den spezifischen Nutzen der eingelagerten Diversität am Beispiel der Kühleoleranz zu verdeutlichen. Darüber hinaus soll die genetische Diversität der Schweizer Kernsammlung mit jener von anderen Diversitätsstudien verglichen und in direkten Bezug zur europäischen Maissammlung gestellt werden. Dies ist von speziellem Nutzen, da eine sinnvolle Ergänzung bzw. Erweiterung der bestehenden Europäischen Kernsammlung durch Schweizer Akzessionen beabsichtigt wird.

### **2. Erledigte Arbeiten**

#### **2.1 Molekulare Charakterisierung der Kernkollektion**

Die Methodik der molekulargenetischen Charakterisierung der Kernkollektion wurde im Statusbericht vom 27.03.2009 beschrieben. Deshalb wird hier von einer erneuten Beschreibung abgesehen. Die Resultate der genetischen Analyse, wie sie im letzten Bericht beschrieben wurden, beruhen auf einer provisorischen Analyse. Inzwischen wurden die genetischen Daten vollständig analysiert. Die provisorischen Resultate konnten ergänzt, gefestigt, oder berichtigt werden.

Eine Berichtigung drängte sich vor allem für die Beurteilung der in der Kernkollektion enthaltenen genetischen Diversität auf. Im Vergleich zu anderen Studien (z.B. jene von Vigouroux et al. 2005 und Warburton et al. 2008) weist die Schweizerische Kernsammlung eine hohe genetische Diversität auf. Innerhalb der Kernkollektion sind gewisse geographische Tendenzen erkennbar (Abb. 1). So weisen die Akzessionen, welche aus nördlich des Alpenkammes gelegenen Regionen stammen, eine sehr hohe genetische Diversität auf. Einige Rheintaler Akzessionen gehörten sogar zu den diversesten Landsorten im internationalen Vergleich. Die Ursache der grossen Diversität könnte ein reger Saatgutaustausch innerhalb und zwischen den nördlichen Regionen (z.B. St. Galler Rheintal, Linthebene, Bodenseegebiet und benachbartes Ausland) gewesen sein. Die damit einhergehende Durchmischung und Migration zwischen Akzessionen der Kernkollektion konnte mit Hilfe der molekularen Daten nachgewiesen werden. Die Rheintaler Akzession RV149 beispielsweise besteht zu 68% aus Bestandteilen anderer Akzessionen, nämlich zu 32%, 22% und 8% aus den Akzessionen RV176, RV142 und RV141. Diese Migration wurde wahrscheinlich durch Saatgutaustausch verursacht.

Die Walliser Landsorten bilden eine intermediäre Gruppe (Cluster), die zwischen den Tessiner und den nördlichen Landsorten zu liegen kam (Abb. 1). Die Walliser Landsorten in diesem Cluster weisen erhöhte  $F_{ST}$  Werten auf, was auf genetische Drift oder geographische Isolierung (d.h. kaum Saatgutaustausch), hindeutet.

Des Weiteren konnten weniger und stark durchmischte, sowie Landsorten mit leichter Inzucht identifiziert werden. Sollten die Landsorten in ihrer vollen genetischen Breite erhalten werden, muss unbeabsichtigte Inzucht vermieden werden. Die gefundenen, sehr eng verwandten Akzessionen könnten sich als Duplikate erweisen, was während kommender Erhaltungszyklen berücksichtigt und durch Vergleichsanbau überprüft werden sollte. Unter diesen Aspekten helfen die genetischen Daten das Management der Genbank zu optimieren.

Durch den Vergleich mit internationalen Sammlungen von Maislandsorten, beschrieben in Gauthier et al. (2002), Rebourg et al. (2003) und Dubreuil et al. (2006), bestätigte sich zum einen die Vermutung einer engeren genetischen Verwandtschaft zwischen Schweizer Landsorten mit Herkunft südlich der Alpen und den südeuropäischen Flints („Southern European Flints“, „Italian Orange“, und „Pyrénées-Galice-Flint“). Zum anderen sind Landsorten mit Herkunft nördlich der Alpen näher mit Nordamerikanischen Flints verwandt. Ein detaillierter Vergleich mit den internationalen Daten ist jedoch noch nicht abgeschlossen, weshalb diesbezüglich noch keine endgültigen Aussagen möglich sind.

## **2.2 Felderhebungen 2009**

Die morphologischen Deskriptoren, die im Jahr 2008 erfasst wurden, wiesen eine sehr grosse Variabilität innerhalb der Landsorten auf (Abb. 2). Es scheint, dass die UPOV Deskriptoren, welche für die Beschreibung und Bestimmung von Maissorten (v.a. Inzuchtlinien, Hybridsorten und homogene Züchtungspopulationen) ausgelegt sind, keine eindeutige Charakterisierung von Landsorten zulassen. Aus diesem Grund wurde kurzfristig entschieden, auf eine wiederholte morphologische Charakterisierung der Landsorten im Versuchsjahr 2009 zugunsten einer intensiveren Prüfung auf Kühletoleranz in der Klimakammer zu verzichten. Von Feldexperimenten zur Untersuchung der Kühletoleranz der Landsorten wurde abgesehen, da bei Feldversuchen immer ein gewisses Risiko besteht, dass der gewünschte Kühlestress zum falschen Zeitpunkt oder aber gar nicht auftritt.

## **2.3 Klimakammerexperimente 2009**

Die Kernkollektion wurde zusammen mit fünf Vergleichshybriden (s. Ausblick) in 60 x 30 x 40 cm<sup>3</sup> grossen Kisten bei 23/21°C (Tag/Nacht) bis zum Einblattstadium angezogen. Anschliessend wurde die Temperatur auf 14/12°C (Tag/Nacht) abgesenkt, sodass sich das zweite Blatt unter Kühle entwickelte. Zum Zeitpunkt an dem das zweite Blatt voll entwickelt war, wurde die Temperatur auf den ursprünglichen Wert erhöht. Jeweils zum Einblatt-, Zweiblatt- und Dreiblattstadium wurden sechs Pflanzen pro Akzession (8 Kisten) geerntet. Vor bzw. nach jeder Ernte wurden folgende Merkmale erfasst: Intaktheit des Photosyntheseapparates (Fv/Fm), relativer Chlorophyllgehalt im Blatt (SPAD), Sprosstrockenmasse (unterteilt in Spross/Blatt), Blattfläche und absolute Chlorophyllkonzentration.

Unter Kontrollbedingungen war eine starke Biomasseakkumulation zwischen dem Zwei- und Dreiblattstadium zu beobachten. Die Kühleperiode zwischen dem Ein- und Zweiblattstadium verlangsamte das Wachstum aller Genotypen und bewirkte deutliche Unterschiede zwischen Akzessionen bzw. Genotypen. Trotz der hohen Variabilität innerhalb der Landsorten konnte zwischen küheadaptierten und kühesensitiven Genotypen unterschieden werden. Zum einen reagierten Landsorten südlicher Herkunft mit starker Wuchsreduktion, zum anderen zeigten Genotypen nördlicher Herkunft einen stärkeren, teilweise sogar einen mit modernen Hybriden vergleichbaren Wuchs. In Bezug auf die Robustheit des Photosyntheseapparates zeigte sich ein vergleichbares Bild. Genotypen nördlicher Herkunft zeigten sich weniger beeinflusst vom Kühlestress als südliche Genotypen. Dies lässt darauf schliessen, dass sich die evolutionär bedingte Adaption an eher kühle Langtagbedingungen auch im Schweizer Material wieder finden lässt.

## **2.4 Einbindung der Daten in die Nationale Datenbank**

Die morphologischen Deskriptoren zur Unterscheidung und Identifizierung von Maissorten, welche in den Feldversuchen von 2008 erfasst wurden, wurden im Januar 2010 (geplant war Dezember 2009) in die Nationale Datenbank ([www.bdn.ch](http://www.bdn.ch)) integriert. Es handelt sich dabei um die in Tabelle 1 aufgelisteten Merkmale.

Merkmal	Internat. Code	Beschreibung
.	UPOV 12	Winkel d. Fahnenäste
.	UPOV 15	Anthesis-silking Intervall
DAYTASS_13-1	UPOV 7	Tage bis zur männl. Blüte
EAINANCOSI_13-1	UPOV 17	Intensität von Seidenverfärbung (s. Abb.2)
EARDIA_13-1	UPOV 27	Kolbendurchmesser
EARHEIGHT_13-1	IPGRI 6.2.2	Kolbenhöhe
EARLENGTH_13-1	UPOV 26	Kolbenlänge
EARROW_13-1	UPOV 29	Kornreihen
GROWTH_1-1	BDN 37	Early vigour Bonitur
GROWTH1_13-1	BDN 36	Auflauf (%)
KERNWEIGHT_13-1	.	TKG
LEAXLO_13-1	UPOV 19	Länge Mittelachse ab unterem Fahnenast
LEAXUP_13-1	UPOV 20	Länge Mittelachse ab oberem Fahnenast
NUMPRIMBRAN_13-1	UPOV 14	Anzahl primärer Fahnenäste
PLANTHEIGHT_13-1	UPOV 22.2	Pflanzenhöhe
RATHEA_13-1	UPOV 23	Relative Kolbenhöhe
ROOTLODG_13-1	IPGRI 4.1.10	Stängelstabilität
STEMCOL_13-1	IPGRI 4.1.9	Farbe des Stängels
TAANCOGL_13-1	UPOV 9	Anthocyanfärbung der Hüllspelze Rispe
TILLINDEX_13-1	IPGRI 4.1.8	Bestockungsindex (Best./Pflz.)

**Tabelle 1:** Vorläufige Liste der in die Nationale Datenbank eingegebenen morphologischen Merkmale. Der internationale Code bezieht sich auf die „International Union for the Protection of New Varieties of Plants“ (UPOV), das „International Plant Genetic Resources Institute“ (IPGRI), oder auf die Schweizerische Nationale Datenbank (BDN).

### 3. Öffentlichkeitsarbeit

Im Rahmen der am 25.09.2009 europaweit durchgeführten „Nacht der Forschung 2009“ wurde das vorliegende Projekte sowie der Zweck und Nutzen der Nationalen Genbank in Zürich einem breiten Publikum vorgestellt.

Die Bedeutung früher Aussaattermine und die damit verbundene Kühletoleranz von Mais während der Jugendentwicklung wurde im Rahmen der 17. Jahrestagung der Schweizerischen Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften (SGPW) zum Thema „Wasser und Landwirtschaft“ am 27. März 2009 in Changins in Form eines Posters präsentiert.

### 4. Publikationen

Freitag N, Schneider S, Liedgens M, Messmer R, Stamp P (2009). Mit Kühletoleranz Schweizer Maislandsorten dem Trockenstress entkommen. Jahrestagung der SGPW (Changins, Schweiz).

### 5. Allgemeine Informationen und allfällige Probleme

Aufgrund der hohen Variabilität der morphologischen Merkmale wurde der Vergleich zwischen morphologischen und genetischen Daten (z.B. Distanzkorrelationen) zurückgestellt.

Die im Projektantrag erwähnte Schnelltestung des Wurzelwachstums auf Filterpapier kann voraussichtlich nicht mehr durchgeführt werden da das Projekt bis Ende dieses Jahres erfolgreich abgeschlossen sein muss. Leider standen im Jahr 2009 keine Masterstudenten für diese Arbeit zur Verfügung.

### 6. Ausblick

Die Integration und Bewertung des kombinierten Datensets (Schweizer Kernkollektion und die weltweit gesammelten Akzessionen) sollen Aufschluss darüber geben, inwiefern einzelne Akzessionen Schweizerischer Herkunft zur Erweiterung des Maisgenpools beitragen können.

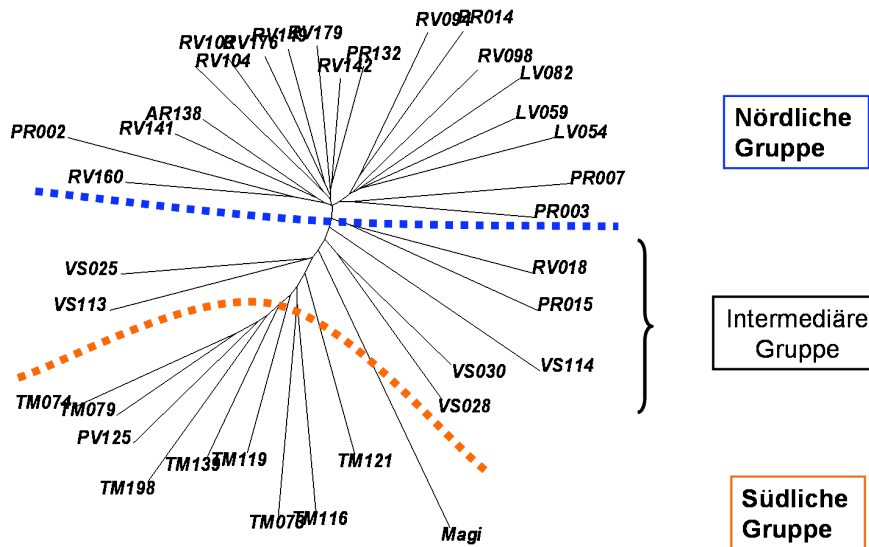
## **Dank**

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 Eschikon (u.a. Klimakammerversuche) und der ETH Zürich (Chlorophyllextraktionen) zum Gelingen der Analysen bei. Auch ihnen sei an dieser Stelle herzlich gedankt.

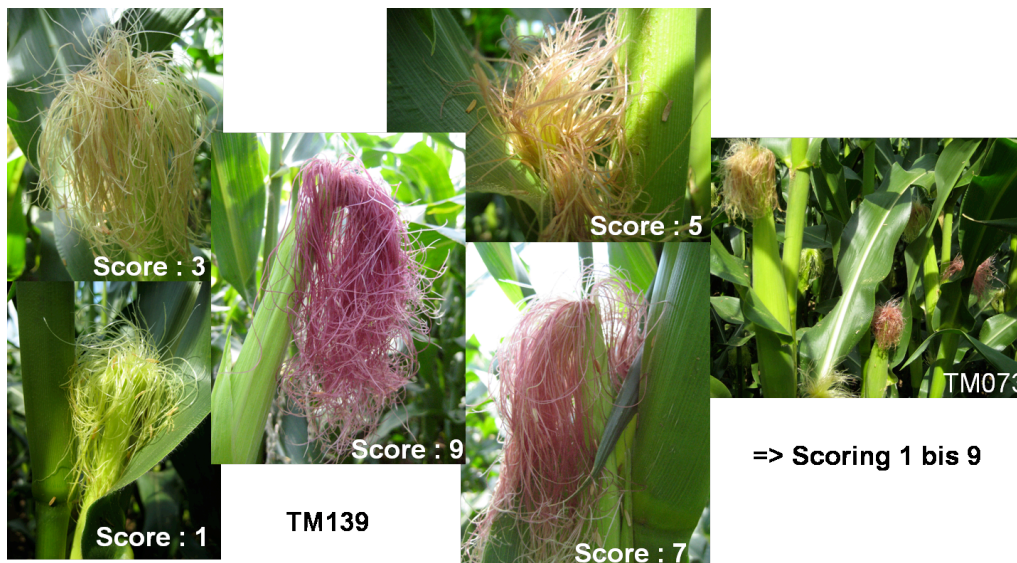
## **Literaturangaben**

- 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.
- 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.
- Peter R, Eschholz TW, Stamp P, Liedgens M (2009) Early growth of Flint Maize Landraces under Cool Conditions. *Crop Sci.* 49:169-178
- 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
- Vigouroux Y, Mitchell S, Matsuoka Y, Hamblin M, Kresovich S, Smith JSC, Jaqueth J, Smith OS, Doebley J (2005) An analysis of genetic diversity across the maize genome using microsatellites. *Genetics* 169:1617–1630
- Warburton ML, Reif JC, Frisch M, Bohn M, Bedoya C, Xia XC, Crossa J, Franco J, Hoisington D, Pixley K, Taba S, Melchinger AE (2008) Genetic diversity in CIMMYT nontemperate maize germplasm: landraces, open pollinated varieties, and inbred lines. *Crop Sci* 48:617–624

## Anhang



**Abbildung 1:** Genetische Verwandtschaft Schweizerischer Maislandsorten. Abkürzungen verdeutlichen die Herkunftsregion. (AR – Vorderes Rheintal, PR – Hinteres Rheintal, RV – Rheintal, LV – Linthebene, TM – Tessin, PV – Puschlav, VS – Wallis und Magi als Kontrollhybrid Magister).



**Abbildung 2:** Morphologische Variabilität der Seidenfärbung innerhalb zweier Akzessionen, TM139 (fünf Nahaufnahmen einzelner Kolbenanlagen) und TM073 (rechtes Bild).