

NAP-Projekte 02-33 / 02-201

# Adaptation schweizerischer Maislandsorten an marginale Regionen

Jahresbericht 2005



**Gruppe für Kulturpflanzenwissenschaften, Institut für Pflanzenwissenschaften, ETHZ**

**Projektleitung:** Prof. Dr. Peter Stamp  
**Wissenschaftliche Beratung:** Dr. Markus Liedgens, Dr. Andreas Hund  
**Projektbearbeitung:** Roland Peter  
Tobias Eschholz

## **Zusammenfassung**

Dieses Projekt hat zum Ziel, die in der Schweizer Genbank und durch private Initiativen erhaltenen Akzessionen traditioneller Schweizer Maislandsorten auf ihre Vielfalt und ihre speziellen Eigenschaften hin zu untersuchen. 18 ausgewählte Akzessionen werden im kühlen Schweizer Frühjahr auf ihre Jugendentwicklung untersucht und die Populationen bezüglich weiteren wichtigen agronomischen Eigenschaften beschrieben und mit heute üblichen Hybridsorten verglichen. Hierzu wurden umfangreiche Feldversuche an verschiedenen klimatisch optimalen und marginalen Standorten durchgeführt. Erste Resultate zeigen, dass vor allem Akzessionen aus südlichen Herkunftsregionen unter den Versuchsbedingungen bezüglich ihrer Jugendentwicklung stark von Herkünften aus dem Rhein- und Linthtal abweichen.

Zur Erfassung der genetischen Diversität der verfügbaren Maisakzessionen anhand neutraler Eigenschaften und um sicher zu stellen, dass keine Akzession doppelt in den Genbanken erhalten wird, führen wir neben den Feld- und Klimakammerversuchen eine Analyse im Labor mit Hilfe molekularer Marker durch. Ebenfalls erwarten wir etwas über die Beziehungen der Landsorten aus verschiedenen Regionen der Schweiz zueinander zu erfahren. Vorläufige Resultate zeigen eine sehr grosse genetische Diversität im untersuchten Material.

## **Einleitung**

In Mitteleuropa werden heute nahezu ausschliesslich Einfachhybriden in der Landwirtschaft genutzt. Hierfür werden Hartmaislinien, die genetisch zu einem guten Teil alte schweizerische Landsorten repräsentieren, sowie Zahnmaislinien aus Nordamerika miteinander verkreuzt. In der zweiten Hälfte des letzten Jahrhunderts wurden mit dem Siegeszug der Hybriden die traditionell angebauten, offen bestäubten Landsorten verdrängt. In der Genbank der RAC<sup>1</sup> werden mittlerweile 150 schweizerische Maislandsorten gelagert, die vor allem in den 50er Jahren des vergangenen Jahrhunderts gesammelt wurden. Eine Reihe von Landsorten, die dem Rheintaler Ribelmals, dem Linthmais, dem Bündnermais und dem Tessinermais zuzuordnen sind, werden oder sollen in NAP<sup>2</sup>-Projekten auf ihren heutigen Nutzwert hin charakterisiert werden. Dieses Projekt hat zum Ziel, diese in ihrem landeskulturellen Wert weitgehend unbekanntes Ressourcen daraufhin zu analysieren, ob die durch Landwirte verschiedener marginaler Regionen über mehr als 300 Jahre begleitete natürliche Selektion zur spezifischen Adaption an raue Klimaverhältnisse geführt hat. Hierbei steht vor allem die frühe Jugendentwicklung im Mittelpunkt, da hierdurch das spätere Leistungspotential massgeblich beeinflusst wird. Parallel müssen zentrale agronomische Eigenschaften unter günstigen und den marginalen Bedingungen der Herkunftsgebiete mit erfasst werden. Zentral ist hierbei die Frühreife. Weiterhin müssen die Pflanzenhöhe und der Ertrag erfasst werden, um eine Gesamtbewertung vornehmen zu können, dies wird in Abstimmung mit den Programmen Linthmais, Rheintaler Ribelmals, Bündnermais und „Walliser-Mais im Rahmen des Nationalen Aktionsplan (NAP) des Bundes erfolgen.

Auf der Grundlage dieser Untersuchungen wird die Genbank der RAC in die Lage versetzt, eine aktive Nutzung dieser wertvollen genetischen Ressourcen für gut angepasste Maissorten auch zum Nutzen der konventionellen Züchtung in der Schweiz gezielt zu begleiten. Vor allem wird durch eine derart umfassende Abklärung die Nachhaltigkeit der gezielten Wiedereinführung bestimmter Landsorten aus den Gebieten des Rheintales, des Linthtales, des Bündnerlandes und des Tessins entscheidend unterstützt. Darüber hinaus werden die Grundvoraussetzungen geschaffen, um für die ökologische Landbewirtschaftung abgeleitete, offen abblühende Landsorten zu entwickeln, die eine besondere Adaption an raue Klimabedingungen aufweisen.

## **Ziele**

Landsorten könnten auf Grund ihrer Evolutionsgeschichte besser an kühle Frühlingsumwelten und marginale Böden angepasst sein. Solche Unterschiede können nur dann sicher erkannt und

<sup>1</sup> Station fédérale de recherches agronomiques de Changins

<sup>2</sup> Nationaler Aktionsplan zur Erhaltung von Pflanzengenetischen Ressourcen in Ernährung und Landwirtschaft

genutzt werden, wenn das Herkunftsmaterial genetisch gut charakterisiert ist und die Merkmale sowohl unter kontrollierten Umweltbedingungen als auch im Freiland sicher erfasst werden können.

Dazu sind folgende Schritte vorgesehen:

- a. 2004: Prüfung von aussagekräftigen physiologischen Merkmalen bei verschiedenen Temperaturverfahren in der Klimakammer, vor allem für das Spross- und Wurzelwachstum einschliesslich der Blatt-Chlorophyllfluoreszenzgehalte.
- b. 2004/2005: Erfassung der physiologischen Merkmale in Feldversuchen von günstigen und marginalen Standorten.
- c. 2004/2005: Vergleichsexperimente in einer Modellanlage zur Untersuchung der Bodendurchwurzelung verschiedener Landsorten während ihrer Jugendentwicklung.
- d. 2006: Datenanalyse und abschliessende Zusammenfassung der Resultate

Da in den verschiedenen Genbanken eine grosse Zahl von Akzessionen eingelagert ist, über deren Herkunft und Verwandtschaft nur sehr wenige Informationen vorhanden sind, können mit molekularbiologischen Methoden die vorhandenen Sammlungen untersucht, wertvolle Informationen zur genetischen Diversität des Materials gewonnen und Duplikate in den Genbanken aufgespürt werden.

Hier soll wie folgt vorgegangen werden:

- a. 2005/2006: Genetische Charakterisierung der verschiedenen Populationen anhand von Simple Sequence Repeat (SSR) Markern.
- b. 2005/2006: Erstellung eines Dendrogramms, das die Verwandtschaftsbeziehungen der verschiedenen Populationen illustriert, basierend auf biostatistischen Auswertungen der Resultate von Analysen mit molekularen Markern. Dabei wird zunächst durch Berücksichtigung mehrerer Individuen pro Population die Frequenz einzelner Allele ermittelt. Diese Allelfrequenz dient anschliessend als Basis für die Berechnung der genetischen Distanz zwischen den verschiedenen Populationen.

## **Material**

In der Genbank in Changins wurden von 1942 bis 1989 rund 150 Landsorten/Maisherkünfte eingelagert, die gemäss ihrer Herkunftsorte und, soweit bekannt, nach den DonatorInnen benannt sind; hinzu kommen über 25 ausgewählte Herkünfte aus den Projekten Rheintaler Ribelmals<sup>3</sup>, Linthmals<sup>4</sup>, Bündnermals<sup>5</sup> und Sortengarten Erschmatt<sup>6</sup>. Einige französische und deutsche Landsorten in diesem Material, wie die zu ihrer Zeit sehr bekannte Landsorte „Gelber Badischer Landmalt“, erlauben zudem repräsentative Vergleiche zu benachbarten Regionen. Dieses Material wird in den Untersuchungen durch moderne Standardhybridsorten ergänzt.

Zu Beginn dieses Projektes standen uns 171 Akzessionen zur Verfügung.

<sup>3</sup> Projekt Verein Linthmalt (Alfred Jud-Zimmermann und Hans Oppliger) (12 Herkünfte)

<sup>4</sup> Projekt Rheintaler Ribelmalt (Rolf Künzler und Hans Oppliger) (38 Herkünfte)

<sup>5</sup> NAP-Projekt Lokalsorten Graubündens (Peer Schilperoord). Im Rahmen dieses Projektes werden 32 Herkünfte aus der Genbank geprüft (8 pro Jahr)

<sup>6</sup> Projekt Erschmatt (Roni Vonmoos) (7 Herkünfte)

**Bild...** Vergleich Landsorten 1942 (links) mit 2003 (rechts). Obere Zeile: linthtaler Landsorte (LT14, ZM086), untere Zeile rheintaler Landsorte (RT25, ZM096)



**Bilder...** Rheintaler (RT35, obere Zeile) und Tessiner (TM11, ZM073; untere Zeile) Landsorten.



## Arbeiten und Ergebnisse 2005

### Mehrortige Feldprüfung der Jugendentwicklung und Beschreibung von Sprossmerkmalen

Anhand der Daten aus den Klimakammerversuchen wurden 18 Herkünfte für eine weiterführende Feldprüfung der Jugendvitalität und weiterer Sprosseigenschaften selektiert (Anhang 1). Diese rein erhaltenen Landsorten sowie eine moderne Standardhybridsorte (Magister, Syngenta) wurden unter agronomisch günstigen Bedingungen des Mittellandes an zwei Standorten (Lindau, 540 m.ü.M.; Wiesendangen, 450 m.ü.M.) sowie an zwei klimatisch marginalen Höhenstandorten (Magdenau, 830 m.ü.M.; Degersheim, 870 m.ü.M.) im zweiten Versuchsjahr geprüft.

Die Untersuchungen im Feld ergaben bisher, dass v.a. Populationen aus südlichen Gebieten eine ungenügende Jugendentwicklung aufweisen, im späteren Wachstum bis zur Ernte jedoch teilweise den Entwicklungsrückstand kompensieren können. Hauptsächlich Akzessionen aus dem Rheintal zeigten in beiden Versuchsjahren eine sehr gute Jugendentwicklung unter z.T. extremen Kühlestressbedingungen (Anhang 3). Die Hybridsorte erwies sich in den Versuchen als guter Vergleichsstandard, wobei das Material aus dem Rheintal bezüglich der Jugendentwicklungseigenschaften regelmässig bessere Ergebnisse erzielte.

Bilder 8-9: Vermehrungsparzelle Eschikon



### Wurzeluntersuchungen in einer Lysimeteranlage

Im vergangenen Projektjahr konnten erneut einige ausgewählte Landsorten in einer mit Minirhizotrons (transparente Röhren im Boden zur Aufnahme von Bildern im Wurzelbereich) ausgerüsteten Lysimeteranlage<sup>7</sup> auf ihre Wurzelbildung untersucht werden. Bilder des Wurzelraumes konnten so in 5 verschiedenen Bodentiefen zweimal pro Woche erfasst werden. Für die Bildanalyse der Versuche aus 2004/2005 kann grösstenteils auf bestehende Analysepakete zurückgegriffen werden. Aufgrund des umfangreichen Bildmaterials, dessen visuelle Auswertung ungefähr ebenso zeitaufwendig ist wie die Durchführung des Experiments, kann mit ersten Resultaten für diese Untersuchungen erst in der zweiten Hälfte 2006 gerechnet werden.

### Vermehrung von Saatgut

Damit für anschliessende Versuche und weitere interessierte Kreise von allen Akzessionen genügend Saatgut verfügbar ist, wurden in Ergänzung zur Vermehrung von 2003 18 Akzessionen kontrolliert vermehrt.

Dabei musste festgestellt werden, dass das Saatgut einer Akzession aus der Genbank des Vereins Rheintaler Ribelmals ihre Keimfähigkeit im Feld vollständig verloren hatte. Da

<sup>7</sup> Liedgens M., & Richner W. (2001) Minirhizotron observations of the spatial distribution of the maize root system. *Agron. J.* **93**: 1097-1104.

weiteres Saatgut nicht mehr verfügbar war, muss davon ausgegangen werden, dass diese Akzession verloren ist.

### Vergleichsanbau von 172 Maisakzessionen

Dieser Versuch sollte die weitere Beschreibung aller 172 Akzessionen im Feld ermöglichen. Dabei wurden 15 Merkmale erfasst und können nun in die nationale Datenbank der Schweiz für pflanzen genetische Ressourcen einfließen. Ergänzende Resultate stehen aus einem ähnlichen Versuch aus dem Jahr 2003 zur Verfügung.

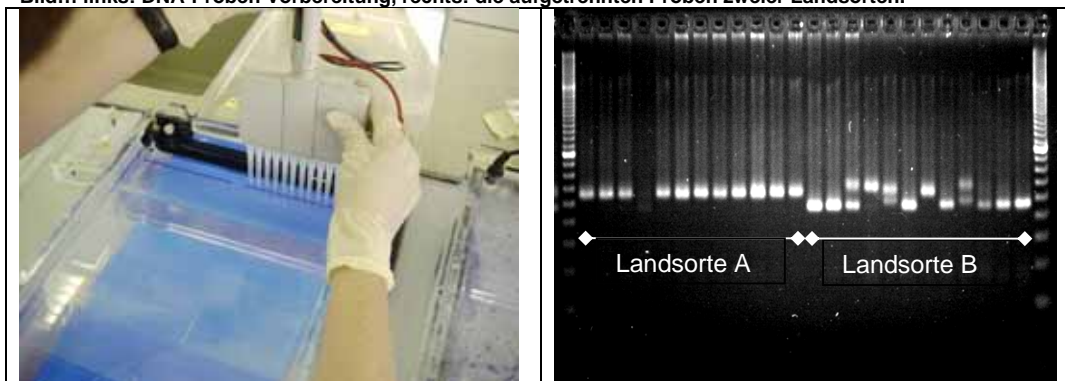
### Erfassung der genetischen Diversität durch SSR Marker mit genomischer DNA

Die Methodik für diese Studie wurde zunächst am Beispiel der 18 Akzessionen erarbeitet, die in den Feldversuchen 2004/2005 beschrieben wurden. Bei der Auswahl dieses Materials war unter anderem darauf geachtet worden, dass möglichst verschiedene Herkunftsregionen repräsentiert sind. Somit konnte sichergestellt werden, dass die ausgewählten molekularen Marker in diversem Material bei der PCR auswertbare Amplifikation zeigen.

Basierend auf diesem Vorversuch wurden mit den geeigneten Markern alle 172 Akzessionen untersucht.

Bei dem Vergleich der molekularen Markerdaten des Vorversuchs mit den Felddaten fällt auf, dass drei klar charakterisierte phänotypische Gruppen anhand der genetischen Daten weiter aufgesplittet werden, was darauf hin deutet, dass die genetische Diversität grösser ist als die phänotypische.

Bild... links: DNA-Proben Vorbereitung, rechts: die aufgetrennten Proben zweier Landsorten.



### Ausblick Projektjahr 2006

Die molekularen Analysen und die Wurzeluntersuchungen werden im ersten Trimester 2006 abgeschlossen sein.

Danach können die gewonnenen Daten der beiden Projekte genau analysiert und die Resultate zusammengefasst werden. Sie sollen später in einem grossen Abschlussbericht präsentiert werden.

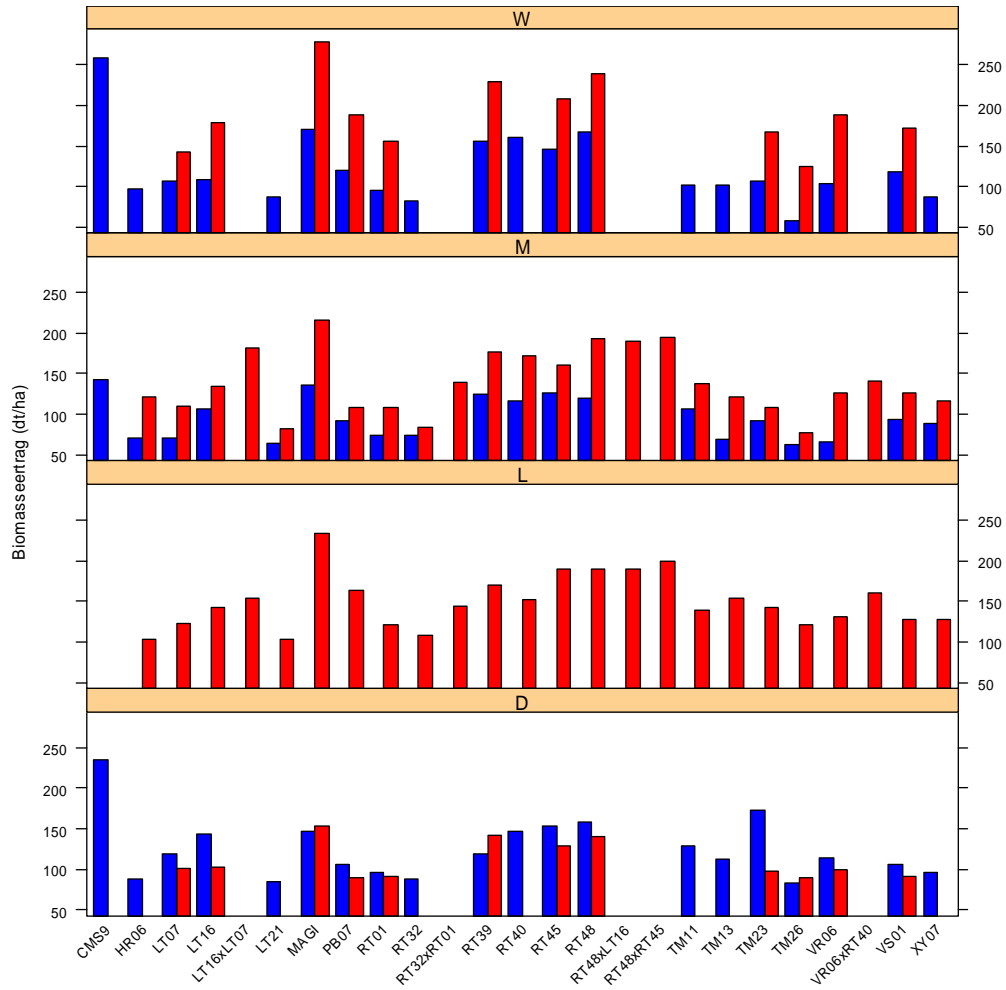
Die vorliegenden Daten können der nationalen Datenbank zugeführt werden.

## Anhang

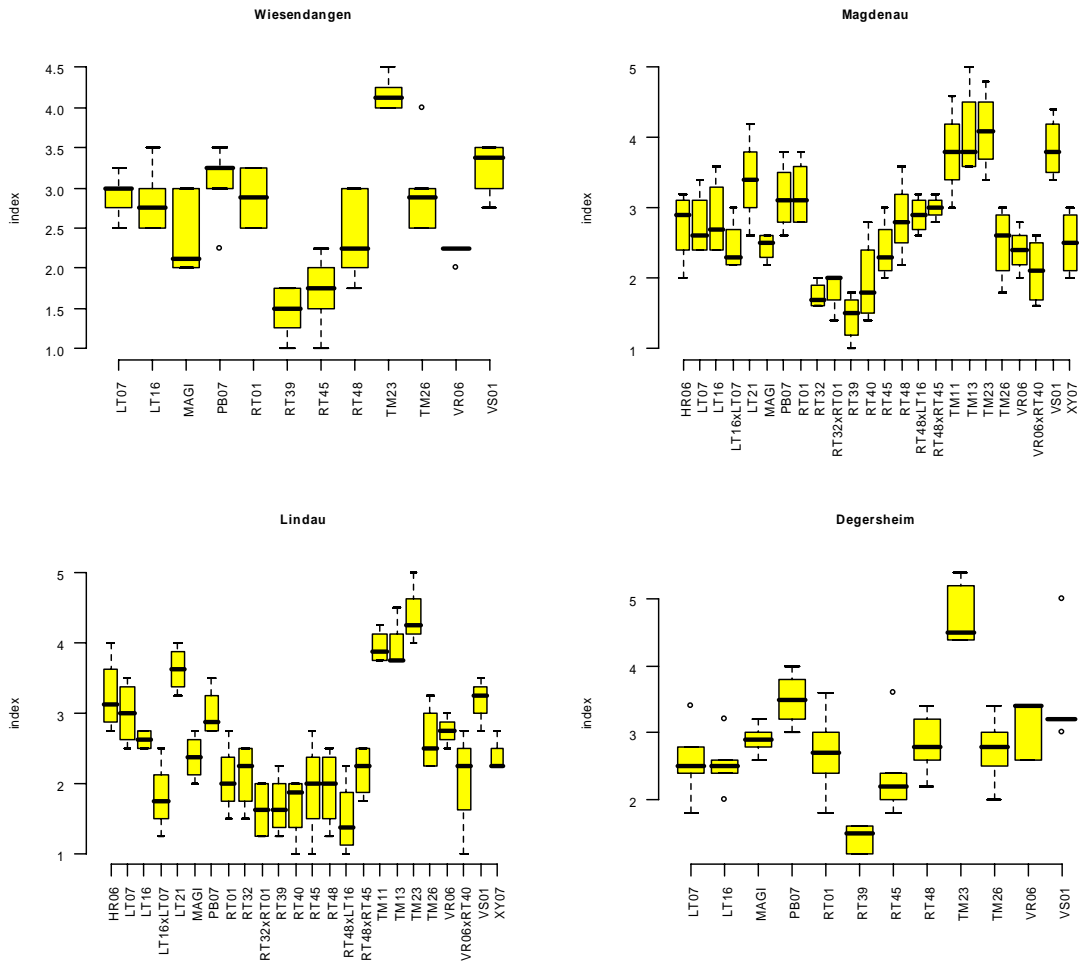
**Anhang 1 Geprüfte Populationen der Feldexperimente 2004 und 2005.** ACW: Agroscope Changins-Wädenswil, VRRM: Verein Rheintaler Ribelmais, EM: Sortengarten Erschmatt.

<b>Region</b>	<b>NAP ETH</b>	<b>VRRM / ACW / EM</b>	<b>Donator, Herkunftsort</b>
Hinterrhein	HR006	ZM007	Tartar, Gr. 4-2
Linthtal	LT007	ZM059	Eschenbach, L.180
Linthtal	LT016	ZM055	Tuggen, L.11-b
Linthtal	LT021	ZM089	Wangen, SZ, L.12-a-1
Puschlav/Bergell	PB007	ZM125	Brusio, Sdt.173
Rheintal	RT001	ZM018	Paeffers, L.1-1-a
Rheintal	RT032	ZM103	Au, Rh.7
Rheintal	RT040	VRRM 7	Ösch, Balgach
Rheintal	RT045	VRRM 12	Good, Mels
Rheintal	RT048	VRRM 15	Steiger, Oberriet
Tessin	TM011	ZM073	Gerra, Sdt 13-c-2
Tessin	TM013	ZM075	Vogorno, Sdt.18-a
Tessin	TM023	EM001	Bleniotaler
Tessin	TM026	EM004	Verzasca-Mais
Vorderrhein	VR006	ZM134	Almens
Wallis	VS001	ZM023	Antoine Luder, Vouvri
Deutschland	XY007	ZM127	Gelber Badischer Landmais
Mexico	CMS9	CYMMIT	EI Batan
<b>Topcrosses:</b>			
Rheintal	RT32xRT01		ETH Eschikon
Linthtal	LT16xLT07		ETH Eschikon
Rheintal	RT48xRT45		ETH Eschikon
Vorderrheintal / Rheintal	VR06xRT40		ETH Eschikon
Rheintal / Linthtal	RT48xLT16		ETH Eschikon
<b>Standards:</b>			
Syngenta	Magister		
Rheintal	RT039	VRRM 6	Vetsch, Buchs

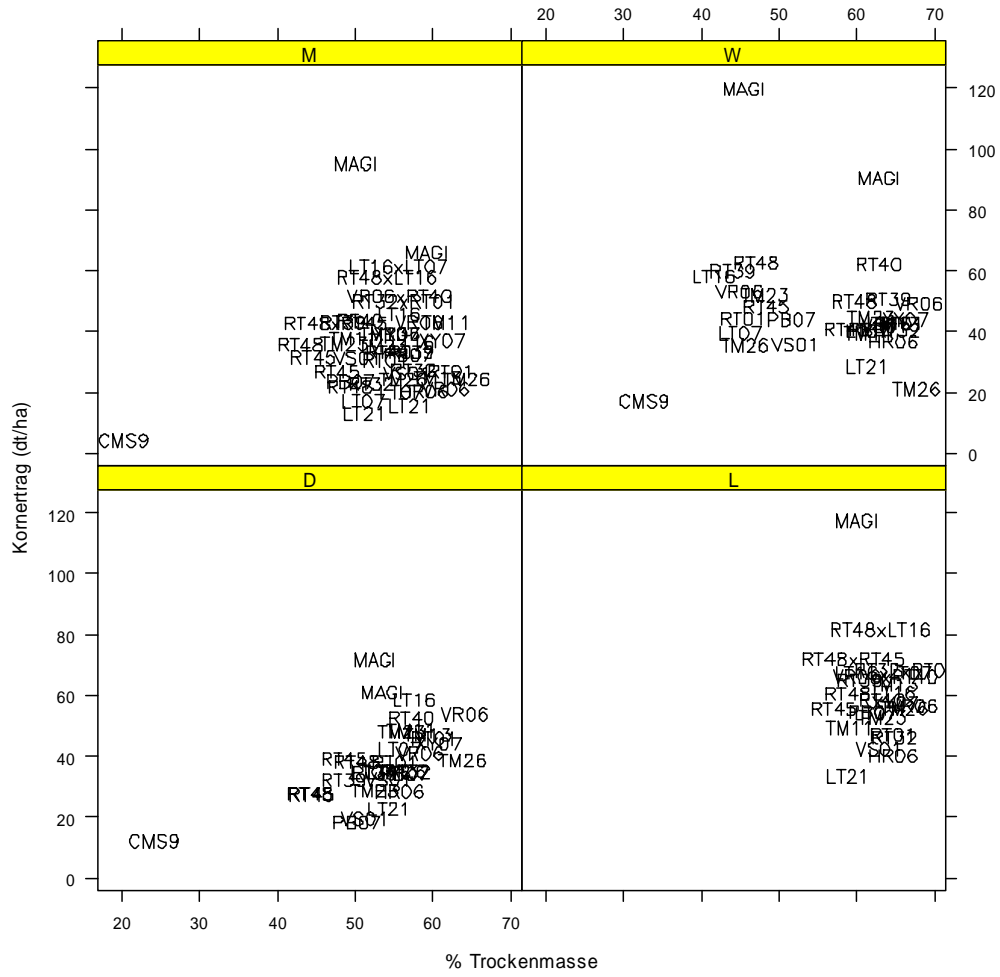
**Anhang 2 Sprossbiomasse (dt TM/ha) zur Ernte.** Rot: Ernte 2005, blau: Ernte2004, W: Wiesendangen, M: Magdenau, L: Lindau, D: Degersheim.



Anhang 3 Jugendentwicklungsbonitur 2005. Skala: 1 = sehr gut, 9 = nicht überlebensfähig.

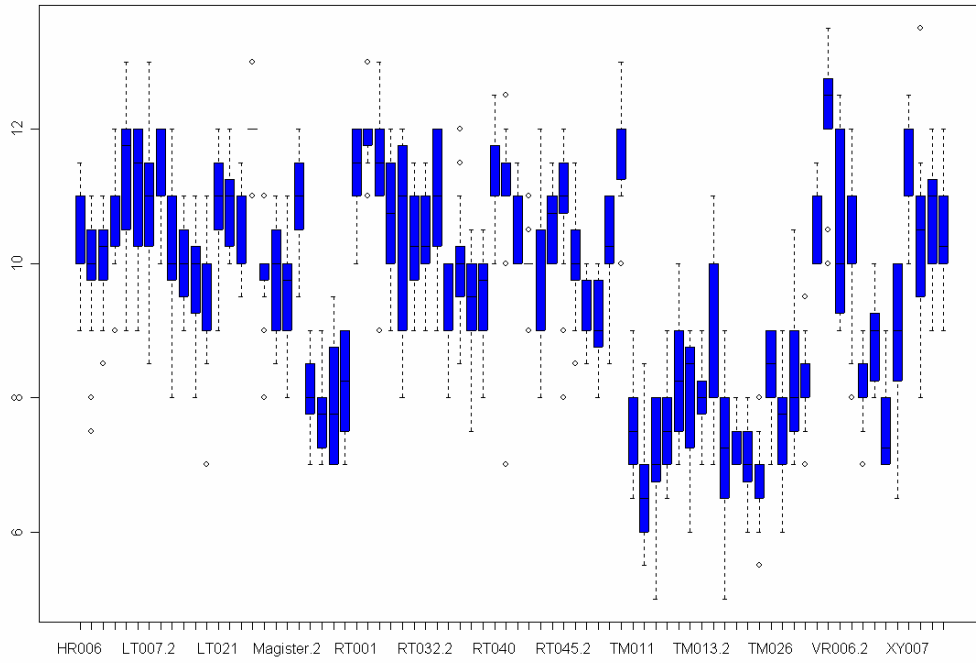


**Anhang 4 Zusammenhang zwischen Reife und Kornertrag.** Standortmittelwerte für alle geprüften Akzessionen für die Jahre 2004, 2005; W: Wiesendangen, M: Magdenau, L: Lindau, D: Degersheim.

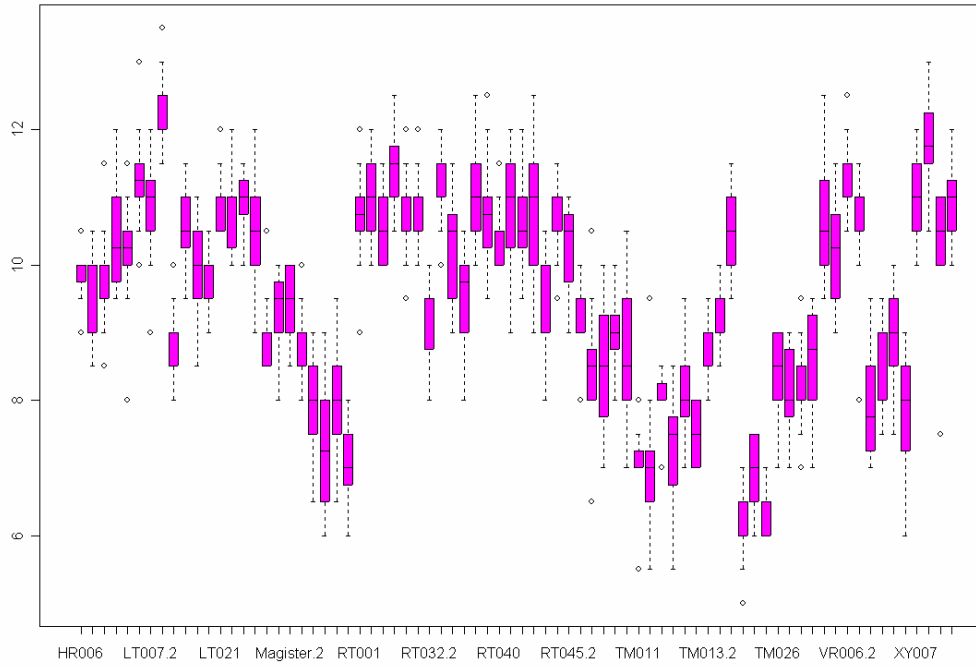


**Anhang 5 Darstellung der Diversität anhand eines Merkmals (Kornbreite), Box-Plots repräsentieren Messwerte aus einer Feldparzelle, 4 Parzellen je Population**

Wiesendangen:



Magdenau:



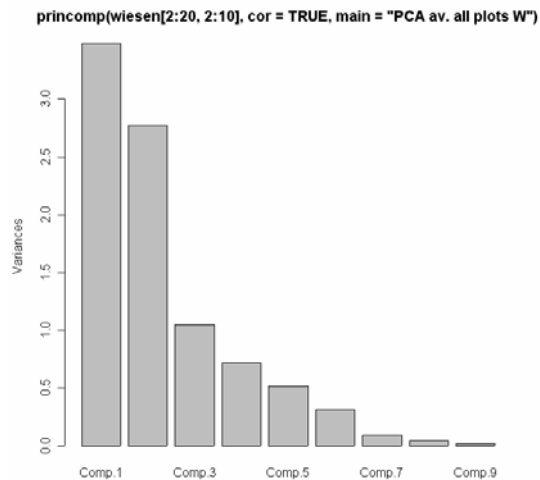
**Anhang 6 Bewertung der Eignung von Merkmalen aus dem Feld zur Unterscheidung der Populationen, 9**  
 Merkmale (Kolbenhöhe, Pflanzenhöhe, Kornreihen/Kolben, Kolbendurchmesser, Kolbenlänge, Kolbenstiellänge, Kornlänge, Korndicke, Kornbreite) repräsentiert durch arithmetische Mittel aus allen vier Parzellen jeder Population, Standort Wiesendangen

Population	Cheight (cm)	Pheight (cm)	rows/ear	Ediam (mm)	Elength (mm)	Lengthped (mm)	Klengt h (mm)	Kthickn (mm)	Kwidth (mm)
CMS939083	NA	NA	17.510	31.646	137.202	112.475	NA	NA	NA
HR006	77.000	203.375	12.058	35.168	129.875	104.500	8.213	5.738	10.313
LT007	74.250	215.375	9.160	31.284	158.396	114.450	8.375	6.731	11.200
LT016	80.125	206.875	11.226	34.324	137.528	106.475	8.531	5.300	9.831
LT021	58.625	198.425	8.214	27.536	130.482	113.375	8.566	6.206	11.144
Magister	98.375	233.375	12.025	34.050	154.250	139.175	9.538	5.975	10.075
PB007	78.000	207.625	13.000	28.200	137.500	109.375	7.219	5.438	7.963
RT001	61.764	194.000	8.753	30.475	140.694	105.875	8.938	6.125	11.375
RT032	54.650	173.750	10.883	30.794	138.708	125.375	8.175	5.813	10.519
RT039	101.625	245.250	11.775	33.200	161.500	104.250	8.144	6.050	9.563
RT040	116.875	235.750	11.275	36.069	164.906	98.625	8.650	6.156	10.619
RT045	108.625	249.250	10.907	36.300	187.000	116.375	8.563	6.169	10.288
RT048	123.375	263.375	12.900	32.325	164.125	110.625	8.506	5.250	10.094
TM011	97.528	212.625	15.683	29.283	127.653	113.125	9.269	5.506	7.231
TM013	102.625	217.125	14.125	33.425	117.000	88.625	7.838	5.656	8.419
TM023	85.000	213.125	14.022	27.839	131.333	97.250	8.038	5.275	7.113
TM026	55.500	156.625	13.386	29.650	91.625	87.306	7.794	5.844	8.144
VR006	69.125	222.000	9.222	27.597	167.875	140.500	8.694	5.950	10.906
VS001	71.625	199.750	12.700	28.650	144.125	111.000	7.769	5.794	8.381
XY007	72.375	195.000	8.025	24.200	157.250	110.375	8.844	6.444	10.794

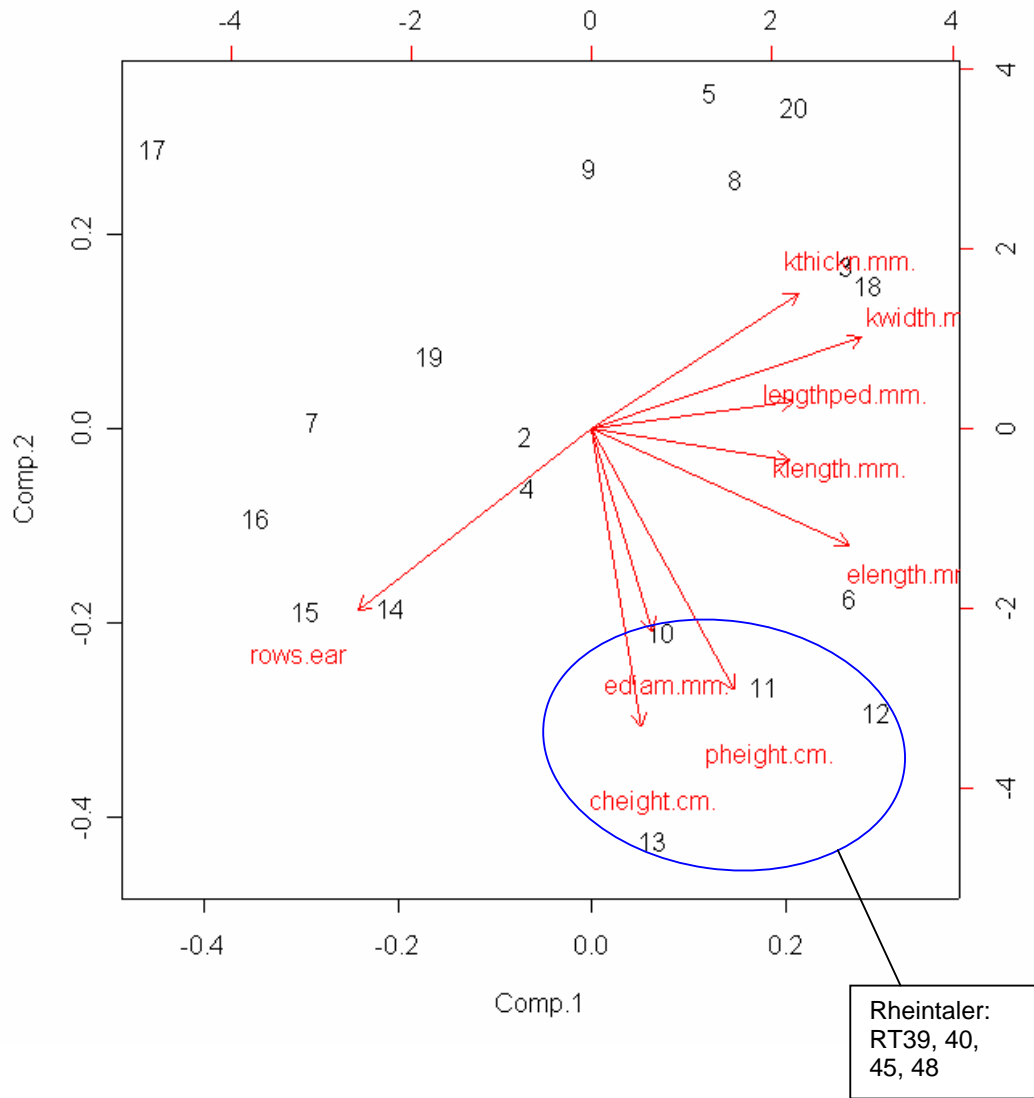
Anteil einzelner Hauptkomponenten:

Importance of components:

	Comp.1	Comp.2	Comp.3	Comp.4	Comp.5
Standard deviation	1.8652018	1.6658990	1.0225592	0.84715498	0.71965528
Proportion of Variance	0.3865531	0.3083577	0.1161808	0.07974128	0.05754486
Cumulative Proportion	0.3865531	0.6949108	0.8110916	0.89083290	0.94837776



Die beiden wichtigsten Hauptkomponenten gegeneinander aufgetragen:  
 Die Zahlen repräsentieren Populationen wie in der Tabelle oben (6 = Magister)



Anhang 7 Clustering der 9 Feldmerkmale (Methode: Ward)

