

Bundesamt für Landwirtschaft BLW
Direktionsstab
Mattenhofstrasse 5
CH-3003 Bern

Zurich, 29. Februar 2008

WISSENSCHAFTLICHE STATUSBERICHTE NAP 03-57 UND NAP 03-58

Sehr geehrte Damen und Herren

Anbei erhalten Sie je zwei Exemplare der Statusberichte über die Projekte „Alte Eigenschaften – neue Ansprüche schweizerische Maislandsorten in der Landwirtschaft der Gegenwart und der Zukunft“ (NAP 03-57) und „Kombination aus Ex-situ-Erhaltung und On-Farm-Management Schweizer Maislandsorten auf Basis einer Kernkollektion“ (NAP 03-58)

Bei Fragen stehe ich Ihnen gerne zur Verfügung.

Mit freundlichen Grüssen,



Ingrid Aulinger-Leipner

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

Einleitung und Zielsetzung

Die *ex-situ* konservierte Sammlung von Schweizer Maislandsorten soll in ihrer vollen genetischen Breite und, wenn möglich, sogar *in-situ* erhalten werden können. Dazu ist eine gute phänotypische und genetische Charakterisierung des Pflanzenmaterials unerlässlich. Während die agronomische Beurteilung der Maislandsorten Information über Ertragspotential und -stabilität liefert, helfen neutrale morphologische und molekulare Marker Verwandtschaften innerhalb der Sammlung und mit anderen Sammlungen aufzuzeigen. Die Kombination von phänotypischen und genetischen Daten ermöglicht, agronomische Merkmale bis zu einem gewissen Grad genetisch zu kartieren.

Basierend auf Ergebnissen des Vorprojektes, in welchem die vollständige Sammlung (ca. 170 Akzessionen) mit einem Minimalset von Deskriptoren und molekularen Markern charakterisiert wurde, soll im gegenwärtigen Projekt eine Kernkollektion von zirka 35 Akzessionen definiert werden. Diese werden mit mindestens 30 molekularen Markern (SSRs) eines internationalen Standardsets verlässlicher genotypisiert. Eine für das Jahr 2007 vorgesehene Vermehrung produziert Saatgut für folgende Feld- und Klimakammerversuche, in welchen die Kernkollektion phänotypisch untersucht wird.

Erledigte Arbeiten

Definition einer Kernkollektion

Die Kernkollektion wurden mit der D-Allokationsmethode (Franco et al. 2005) ausgewählt. Dazu wurden die Akzessionen zunächst anhand ihrer genetischen Verwandtschaft, die mit 10 SSR Markern geschätzt wurde, mittels Ward Agglomerationsmethode gruppiert. Die Anzahl der aus jeder Gruppe (Cluster) gewählten Akzessionen war proportional zur genetischen Diversität des jeweiligen Clusters. Aus einem sehr diversen Cluster mit Tessiner Akzessionen wurden vergleichsweise mehr Akzessionen selektiert als aus anderen Clustern. Gleichzeitig wurde allerdings auch auf eine ausgeglichene phänotypische und geographische Diversität der Kernkollektion geachtet.

Die so definierte Kernkollektion von 34 Akzessionen (Tabelle 1) weicht in ihren gemittelten phänotypischen Daten nicht vom jeweiligen Mittelwert aller Akzessionen ab. Sie deckt 95 % der Anzahl Allele der Gesamtsammlung und einen ähnlich weiten Bereich genetischer Distanzen ab. Die genetische Variabilität aller Akzessionen wird somit durch Kernkollektion verlässlich repräsentiert.

Die Kernkollektion wurde am 26. Juni 2007 im Rahmen der Arbeitsguppensitzung Ackerpflanzen der SKEK der NAP-Expertenkommission vorgestellt und gut geheissen (SKEK 2007). Eine Akzession aus der Region Vorderrhein wurde auf Anraten von Matthias Menzi noch zusätzlich aufgenommen, da diese Region in der ursprünglichen Kollektion nicht repräsentiert war. Alle weiteren Arbeiten, insbesondere die Beschreibung, konzentrieren sich auf die Kernkollektion. Unabhängig davon werden jedoch alle gesammelten Maisakzessionen in die Primärsammlung überführt und dort erhalten (SKEK 2007).

Saatgutvermehrung

Im Sommer 2007 wurde an der ETH Versuchsstation in Eschikon (Lindau) eine Saatgutvermehrung der Kernkollektion durchgeführt. Die Samenträgerpflanzen jeder Akzession wurden mit einem Pollengemisch von (anderen) Pollenspenderpflanzen der selben Akzession künstlich bestäubt, wie im Anhang 2, Punkt 1.4 der Spezifizierungen zur Erhaltung von Ackerpflanzen (NAP 2006) beschrieben.

Die produzierten 8'000 bis 20'000 Körner pro Akzession reichen mindestens für alle Feld- und Klimakammerversuche im zweiten Projektjahr aus. Sollte der voraussichtliche totale Saatgutbedarf des Komplementärprojektes die vorhandenen Mengen übersteigen, müssen einzelne Akzessionen im Jahr 2008 erneut vermehrt werden.

Der Vermehrungsversuch wurde über die Saatgutproduktion hinaus benutzt um die Kernkollektion auf einige grundlegende phänotypische Merkmale zu untersuchen. Mit den erfassten Daten über Jugendvitalität, Blühzeitpunkt, Pflanzenhöhe, Dynamik des Chlorophyllgehaltes der Blätter und der

Blattseneszenz, Pflanzenhöhe, Kornotyp und Kolbenmorphologie können die Feldversuche von 2008 optimal geplant werden.

Öffentlichkeitsarbeit

Im Rahmen des NAP Projektes wurde eine Publikation verfasst und drei Vorträge gehalten.

Publikation:

- Eschholz TW, Peter R, Stamp P, Hund A (2007) Assessment of the genetic diversity of Swiss maize landraces with individuals and bulks on agarose gels. *Genetic Resources and Crop Evolution* (in press)

Vorträge:

- Peter R: Molecular characterization of Swiss maize landraces. ASA-CSSA-SSSA International Annual Meeting, New Orleans, USA, 4-8 November 2007
- Stamp P: Maislandsorten – molekulargenetisch charakterisiert. SKEK-Fachtagung, OLMA St. Gallen, 16 Oktober 2007
- Messmer R: Landsorten – Quelle für bessere Züchtungen. SKEK-Fachtagung, OLMA St. Gallen, 16 Oktober 2007

Laufende Arbeiten

Genetische Charakterisierung der Kernkollektion

Die genetische Charakterisierung der Kernkollektion ist in vollem Gange, mit einer gewissen Verzögerung im Vergleich zum ursprünglichen Zeitplan. Ein DNA-Gemisch (bulk) von 15 Einzelpflanzen pro Akzession wird mit einem international anerkannten, für Diversitätsstudien geeigneten Set von mindestens 30 SSR Markern untersucht. SSR Analysen in bulks ermöglichen ein kosteneffektives molekulares Fingerprinting grosser Sammlungen genetischen Materials (Reif et al. 2005). Die Arbeiten werden am Internationalen Zentrum für Mais- und Weizenzüchtung CIMMYT in Mexiko durchgeführt. Die grosse Expertise des CIMMYT und die Tatsache, dass dort die molekularen Analysen für mehrere Diversitätsstudien durchgeführt wurden (Camus-Kulandaivelu et al. 2006, Dubreuil et al. 2006, Generation Challenge Programme 2006) garantieren für die Qualität der genetischen Charakterisierung der Schweizer Kernkollektion und die Einordnung der Resultate in den internationalen Kontext.

Abiotischer Stress unter kontrollierten Bedingungen

Die ersten Experimente unter kontrollierten Bedingungen, gemäss Projektbeschrieb für Ende 2007 bzw. Anfang 2008 geplant, werden demnächst in Klimakammern der ETH durchgeführt.

Allgemeine Informationen und allfällige Probleme

Die Feldversuche 2008 für die phänotypische Charakterisierung der Kernkollektion gemäss UPOV und IBPGR-Deskriptoren werden vorbereitet und können voraussichtlich wie geplant durchgeführt werden. Ein Feldversuch ist in Eschikon vorgesehen, ein zweiter kann in Zusammenarbeit mit NAP Partnern im St. Galler Rheintal ausgesät werden. Der mit der phänotypischen Auswertung verbundene grosse Arbeitsaufwand lässt es kaum zu, gleichzeitig zwei Experimente vollständig auszuwerten. Deshalb werden am zweiten Standort nur ausgewählte Merkmale erfasst. Allerdings kann, im Falle unvorhersehbarer Probleme (z.B. Hagel in Eschikon), die Phänotypisierung durchwegs im unversehrten Experiment vorgenommen werden.

Probleme liegen derzeit keine vor.

Literaturangaben

Camus-Kulandaivelu L, Vyrieras J-B, Madur D, Combes V, Fourmann M, Barraud S, Dubreuil P, Gouesnard B, Manicacci D, Charcosset A (2006) Maize adaptation to temperate climate: relationship between population structure and polymorphism in the *Dwarf8* gene. *Genetics* 172:2449-2463

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

Eschholz TW, Peter R, Stamp P, Hund A (2007) Assessment of the genetic diversity of Swiss maize landraces with individuals and bulks on agarose gels. *Genetic Resources and Crop Evolution* (in press)

Franco J, Crossa J, Taba S, Shands H (2005) Sampling strategies for conserving maize diversity when forming core subsets using genetic markers. *Crop Science* 46:854-864

Generation Challenge Programme (2006) Genetic diversity of global genetic resources. Genotyping of composite germplasm set, Tier 1, Maize. Generation Challenge Programme competitive and commissioned research project mid-year reports. Mexico D.F.: Generation Challenge Programme

NAP (2006) Spezifizierungen zur Erhaltung von Ackerpflanzen. Konzept zur Erhaltung der pflanzengenetischen Ressourcen in der Schweiz. SKEK Arbeitsgruppe Ackerpflanzen

Reif JC, Hamrit S, Heckenberger M, Schipprack W, Maurer HP, Bohn M, Melchinger AE (2005) Genetic structure and diversity of European flint maize determined with SSR analyses of individuals and bulks. *Theoretical and Applied Genetics* 111:906-913

SKEK (2007) Beschlussprotokoll der Arbeitsgruppensitzung Ackerpflanzen, Alvaneu, 26.06.2007. Geschäftsstelle SKEK, Nyon

Anhang

Tabelle 1: Akzessionen der Kernkollektion

Akzess.	Region	Ort
002PR	Hinterrheintal	Sils
003PR	Hinterrheintal	Rodels
007PR	Hinterrheintal	Tartar
014PR	Hinterrheintal	Realta
015PR	Hinterrheintal	Scharans
132PR	Hinterrheintal	Scharans
054LV	Linthtal	Schänis
059LV	Linthtal	Eschenbach
082LV	Linthtal	Mels
125PV	Puschlav	Brusio
018RV	Rheintal	Pfäfers
094RV	Rheintal	Buchs
098RV	Rheintal	Eichberg
103RV	Rheintal	Au
104RV	Rheintal	Au
141RV	Rheintal	Tamins
142RV	Rheintal	Trimmis
149RV	Rheintal	Igis
160RV	Rheintal	Diepoldsau
176RV	Rheintal	Balgach
179RV	Rheintal	Mels
073TM	Tessin	Gerra
074TM	Tessin	Preonzo
079TM	Tessin	
116TM	Tessin	Mesocco
119TM	Tessin	Camorino
121TM	Tessin	Bodio
139TM	Tessin	Aquila
198TM	Tessin	Ludiano
138AR	Vorderrheintal	Trins
025VS	Wallis	Drone
028VS	Wallis	Eyholz
030VS	Wallis	Niedergesteln
113VS	Wallis	Sion
114VS	Wallis	Sion