

DISS. ETH NO. 17715

**Genetic diversity and relationships of Swiss Flint maize
(*Zea mays* L. ssp. *mays*) landraces**

A dissertation submitted to

ETH Zurich

for the degree of

DOCTOR OF SCIENCES

presented by

TOBIAS WILHELM ESCHHOLZ

Dipl. - Ing. agr, Justus Liebig University Giessen

born July 3rd 1976

citizen of

Germany

Accepted on the recommendation of

Prof. Dr. Peter Stamp, examiner

Prof. Dr. Albrecht E. Melchinger, co-examiner

Dr. Andreas Hund, co-examiner

Zurich 2008

I Abstract

Maize (*Zea mays* L. ssp. *mays*) has been cultivated in Europe and also in Switzerland since the 16th century. Before hybrid breeding was introduced into Europe after World War 2, open pollinated flint maize landraces were produced by Swiss farmers as food for human consumption using the straw as feed for the live stock. Starting in the 1930s maize landraces from all over Switzerland were collected for maintenance and further use in a new Swiss breeding program. As a result, not less than 168 accessions of maize landraces have been conserved, most of them by the Swiss Gene Bank. In 1996, Switzerland adopted the first global action plan for plant genetic resources - "Leipzig Declaration" - and launched the national campaign plants. Within this framework, the present study aimed to i) characterize the national collection of Swiss maize landraces genetically and morphologically ii) review their history, and iii) define a core set representing the genetic and phenotypic variation of the Swiss maize population. It was anticipated that 400 years of cultivation in differing environments in geographically and culturally diverse Switzerland led to differentiation of the maize accessions in Switzerland. As genetic resources they would be most valuable when characterized and evaluated for use in today's agriculture. An approach was developed profiling ten individual plants per accession as well as DNA bulks representing accessions with one microsatellite marker per chromosome and using high resolution agarose gels to visualize PCR products.

Profiling of larger sets with the individual plant approach was feasible and more informative compared to the bulk analysis. Geographic, cultural, and climatic conditions explained a division in two distinct groups of accessions. One group consisted of landraces collected in the southern parts of Switzerland. This group was related to the Italian Orange Flints. The other group contained accessions from northern Switzerland which were related to Northern European Flints in particular German Flints. Historic evidence was found for a frequent exchange of landraces within the country explaining a lack of region-specific or landrace specific genetic groups. The defined core subset of 34 accessions represents

material from all historic growing regions and includes 95 % of all alleles and shows very similar distribution of the phenotypic variation for 12 primary agronomic traits.

II Zusammenfassung

Mais (*Zea mays* L. ssp. *mays*) wird seit dem sechzehnten Jahrhundert in Europa angebaut auch in der Schweiz. Vor der Einführung der Hybridzüchtung nach dem zweiten Weltkrieg erzeugten Schweizer Bauern Maislandsorten, die als menschliches Grundnahrungsmittel dienten. Das Stroh diente dabei als Viehfutter. In den 1930er Jahren wurde damit begonnen die vorhandenen Landrassen der gesamten Schweiz zu sammeln, um sie zu erhalten und auch zukünftig zu nutzen. Insgesamt konnten 168 verschiedene Akzessionen von Landrassen bis heute erhalten werden, die meisten davon in der Schweizer Genbank. Als Folge der Unterzeichnung der Leipziger Deklaration im Jahre 1996 wurde der Nationale Aktionsplan zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der pflanzengenetischen Ressourcen in Ernährung und Landwirtschaft (NAP) ins Leben gerufen. In diesem Rahmen hatte die vorliegende Arbeit folgende Ziele: i) Charakterisierung der nationalen Sammlung Schweizer Maislandrassen auf genetischem und morphologischem Wege ii) Beschreibung ihrer Geschichte iii) und die Definition einer reduzierten Auswahl an Akzessionen (Kernkollektion) die möglichst viel der genetischen und morphologischen Variation aller Akzessionen enthalten. Es wurde angenommen, dass 400 Jahre Maisanbau in der geografisch und kulturell sehr vielfältigen Schweiz zur Entwicklung ganz unterschiedlicher Akzessionen geführt haben. Als genetische Ressource wären sie besonders wertvoll wenn sie charakterisiert und für ihren Nutzen in der heutigen Landwirtschaft bewertet würden. Also wurde eine Methode entwickelt bei der jeweils zehn Einzelpflanzen einer Akzession oder eine Mischprobe dieser DNA mit einem Mikrosatellitenmarker je Chromosom untersucht wurden, um ein genetisches Profil zu erzeugen. Die Markerprodukte wurden dabei mithilfe hochauflösender Agarosegelelektrophoretisch getrennt.

Die Untersuchung vieler Akzessionen basierend auf Einzelpflanzen war machbar und lieferte mehr Informationen im Vergleich zu den DNA-Mischproben. Geografische, kulturelle und klimatische Bedingungen lieferten eine Erklärung für die Unterteilung der Schweizer Akzessionen in zwei deutlich unterschiedliche

Gruppen, die beobachtet wurden. Eine Gruppe bestand aus Landrassen, die im Süden der Schweiz eingesammelt worden waren. Diese Gruppe war mit dem sogenannten Orangen Italienischen Hartmais verwandt. Die andere Gruppe enthielt vor allem Akzessionen aus dem Norden der Schweiz, die mit dem Nordeuropäischen Hartmais und dabei vor allem dem Deutschen Hartmais verwandt waren. Historische Unterlagen waren Beweis für häufigen Austausch von Landsortensaatgut innerhalb des Landes, was ein Fehlen von Gruppen erklärte, die spezifisch für eine Region oder eine Landrasse gewesen wären. Die Kernkollektion bestehend aus 34 Akzessionen enthält Material aus allen überlieferten Anbauregionen und enthält 95 % aller Allele die festgestellt wurden. Zudem zeigt sie einer sehr ähnliche Verteilung der phänotypischen Variation von 12 Merkmalen wie die Gesamtheit der untersuchten Akzessionen.