



SGPWSSA



Bulletin 31

**27. Jahresversammlung der Schweizerischen Gesellschaft für
Pflanzenbauwissenschaften SGPW**

27. assemblée annuelle de la Société Suisse d’Agronomie SSA

14.03.2019, Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften HAFL, 3052 Zollikofen

**Diversität in der Forschung für einen
vielfältigen Pflanzenbau**

**Plurité dans la recherche pour une
production végétale diversifiée**

Zusammenfassung der Vorträge
Resumés des conférences

**Schweiz. Gesellschaft für
Pflanzenbauwissenschaften SGPW-SSA**

Roland Kölliker
ETH Zürich c/o Agroscope
Reckenholzstr. 191
8046 Zürich
roland.koelliker@usys.ethz.ch
www.sgpw-ssa.ch

doi:10.5281/zenodo.2582415

Programm

- 08:45 - 09:00 **Empfang / Registrierung**
09:00 - 09:45 **Mitgliederversammlung der SGPW-SSA**
- 09:45 - 10:00 **Pause** (Kaffee, Gipfeli)
- 10:00 - 10:05 **Eröffnung wissenschaftliche Tagung**
Astrid Oberson Dräyer, Präsidentin SGPW

Übersichtsreferate (Moderation Astrid Oberson Dräyer)

- 10:05 - 10:40 **Karriere, Abstieg, Revival und Exoten - der Schweizer Pflanzenbau aus der Sicht der Statistik**
Daniel Erdin, Schweizer Bauernverband | Agristat
- 10:40 - 11:15 **Eine Forschung, die sich in den Dienst vielfältiger Anbausysteme stellt**
Urs Niggli, FiBL
- 11:15 - 11:20 **kurze Pause**
- 11:20 - 11:55 **Anbaumassnahmen als Schlüssel zur Vermeidung von Fusarienbefall und Mykotoxinbelastung in Getreide**
Susanne Vogelgsang, Agroscope
- 11:55 - 12:30 **Charakterisierung und Nutzung von genetischer Diversität in der Pflanzenzüchtung**
Bruno Studer, ETH Zürich
- 12:30 - 13:00 **Kurzpräsentationen Poster**
- 13:00 - 14:00 **Lunch & Postersession**

Kurzreferate (Moderation Beat Reidy)

- 14:00 - 14:20 **Diversität des Weizenanbaus in der Schweiz**
Flavio Foiada, Delley Semences et Plantes SA

- 14:20 - 14:40 **Towards a high-throughput method to measure genetic diversity in grassland**
Miguel Loera, ETH Zürich
- 14:40 - 15:00 **New insights in below ground nitrogen of clover-grass mixtures and its residual nitrogen potential for subsequent crops**
Andreas Hammelehle, Agroscope
- 15:00 - 15:20 **Pause**
- 15:20 - 15:40 **Erträge von Nutzpflanzen in Mischkulturen vs. Monokulturen in Abhängigkeit von variierenden Umweltbedingungen und Mischungspartnern**
Nadine Engbersen, ETH Zürich
- 15:40 - 16:00 **Reis und Libellen auf temporär gefluteten Flächen in der Nordschweiz**
Katja Jacot, Agroscope
- 16:00 - 16:20 **Crop diversity of "Kandyen Forest Gardens" and their contribution to household nutrient intakes, quality of diet and food nutrition security**
Emmanuel Frossard, ETH Zürich
- 16:20 - 16:30 **Posterprämierung / Synthese**
- 16:30 **Ende der Tagung**

Inhalt

Übersichtsreferate

Karriere, Abstieg, Revival und Exoten - der Schweizer Pflanzenbau aus der Sicht der Statistik <i>Erdin D</i>	2
Eine Forschung die sich in den Dienst vielfältiger Anbausysteme stellt <i>Niggli U</i>	5
Anbaumassnahmen als Schlüssel zur Vermeidung von Fusarienbefall und Mykotoxinbelastung in Getreide <i>Vogelsgang S, Beyer M, Pasquali M, Jenny E, Musa T, Bucheli TD, Wettstein FE, Forrer HR</i>	7
Charakterisierung und Nutzung von genetischer Diversität in der Pflanzenzüchtung <i>Studer B</i>	10

Kurzreferate

Diversität des Weizenanbaus in der Schweiz <i>Foiada F, Camp KH, Fossati D</i>	12
Towards a high-throughput method to measure genetic diversity in grassland <i>Loera-Sanchez M, Studer B, Kölliker R</i>	14
New insights in below ground nitrogen of clover-grass mixtures and its residual nitrogen potential for subsequent crops <i>Hammelehle A, Oberson A, Lüscher A, Mäder P, Mayer J</i>	15
Erträge von Nutzpflanzen in Mischkulturen vs. Monokulturen in Abhängigkeit von variierenden Umweltbedingungen und Mischungspartnern <i>Engbersen N, Schöb C</i>	16
Reis und Libellen auf temporär gefluteten Flächen in der Nordschweiz <i>Jacot K, Walter T, Churko G, Gramlich A</i>	18
Crop diversity of 'Kandyen Forest Gardens' and their contribution to household nutrient intakes, quality of diet and food and nutrition security <i>Thamilini J, Wekumbura WGCC, Mohotti AJ, Kumara JBDAP, Kudagammana ST, Silva DRR, Frossard E</i>	20

Inhalt

Poster

(P01) Exploring the genetic diversity of <i>Cannabis sativa</i> L. for breeding <i>Bratschi N, George GM, Ruckle ME, Schlup Y</i>	24
(P02) Evaluation de la diversité génétique au sein d'un programme de selection <i>Fossati D, Foiada F, Bucher E</i>	26
(P03) Shedding light on the genetic control of anthracnose resistance in red clover <i>Frey LA, Scandella M, Schubiger FX, Studer B, Kölliker R</i>	27
(P04) Auf der Suche nach robusten Apfelsorten <i>Gassmann J</i>	29
(P05) Forum Ackerbau <i>Graf B</i>	30
(P06) Breeding strategies for a spring-barley spring-pea mixed cropping system <i>Haug B, Messmer MM, Enjalbert J, Goldringer I, Hohmann P</i> . .	32
(P07) Wheat growth rate during stem elongation shows a highly heritable temperature response <i>Kronenberg L, Yates S, Walter A, Hund A</i>	34
(P08) Einsatz von Gründüngungen im Bio-Ackerbau mit reduzierter Bodenbearbeitung <i>Sperling P, Ramseier H</i>	35
(P09) Buchweizenanbau in der Schweiz: neue Sorten für eine alte Nischenkultur <i>Strahm S, Füglistaller D, Läderach C, Enggist A, Thuet A, Luginbühl C, Ramseier H, Hiltbrunner J</i>	36
(P10) Silosorghum - eine Alternative für Silomais in trockenen Lagen? <i>Vonlanthen T, Buchmann U, Hiltbrunner J</i>	38
(P11) Trait spotting: Development of software routines and protocols for reliable remote phenotyping of field experiments and variety trials <i>Roth L, Aasen H, Hund A</i>	39

Übersichtsreferate

Karriere, Abstieg, Revival und Exoten

Der Schweizer Pflanzenbau aus der Sicht der Statistik

Daniel Erdin

Schweizer Bauernverband, Agristat, 5201 Brugg

daniel.erdin@agristat.ch

Über die letzten 100 Jahre entwickelte sich die Schweiz von einer stark landwirtschaftlich geprägten Gesellschaft zu einer Dienstleistungsgesellschaft. Dieser Wandel beschleunigte sich zunehmend. Waren es 1905 noch 14 Einwohner pro Landwirtschaftsbetrieb, lag dieser Wert 2017 bei 164. Dank der massiven Produktivitätssteigerung konnte die Inlandproduktion von Nahrungsmitteln bisher mit dem Bevölkerungswachstum mithalten. Bei einigen Kulturen wie Raps und Zuckerrüben hält die Ertragssteigerung weiter an, bei anderen wie z.B. Winterweizen und Kartoffeln stagnieren die verwendbaren Erträge. Dafür gibt es mehrere Gründe wie Extensivierung, wachsende Qualitätsansprüche und vielfältige Zuchtziele.

Die Entwicklung der Produzentenpreise und der allgemeinen Teuerung der letzten 100 Jahre liefern ein Abbild der Entwicklung der Landwirtschaft. Bis in die 60er Jahre des letzten Jahrhunderts verlief die Entwicklung der Produzentenpreise sowie der allgemeinen Teuerung parallel. Anschliessend konnten die Produzentenpreise aufgrund der stark steigenden Produktivität nicht mehr mit der Teuerung mithalten. Die Produktionssteigerung führte ab 1990 in der Agrarpolitik zur Umstellung von Preis- und Absatzstützung auf Direktzahlungen. Dies hatte einen deutlichen Rückgang der Produzentenpreise bis ins erste Jahrzehnt des aktuellen Jahrhunderts zur Folge. In den letzten Jahren waren die Produzentenpreise stabil bis leicht rückläufig, während die Teuerung langfristig weiter leicht ansteigt.

Die offene Ackerfläche hat sich insgesamt über viele Jahre wenig entwickelt. Dafür haben sich die Anteile der unterschiedlichen Kulturen stark verändert. Zuckerrüben, Ölsaaten, Mais und Körnerleguminosen erlebten eine starke Flächenausdehnung, während die Entwicklung bei Kartoffeln, Brotgetreide und Futterrüben in die entgegengesetzte Richtung zeigt. Die Flächen von Roggen und Hafer gingen stark zurück, während Gerste, Körnermais und Triticale an Bedeutung gewannen. Offensichtlich ist im Hochpreisland Schweiz das zunehmende Primat der Nahrungsmittelproduktion. So konnte sich der Anbau von nachwachsenden Rohstoffen ab Ende der 90er Jahre nicht durchsetzen. Auch die ungenügende Produktion von Eiweiss-Futtermitteln in der Schweiz entspricht dieser These.

Die wirtschaftliche Bedeutung des Ackerbaus hat in den letzten Jahren trotz annähernd konstanter Fläche abgenommen. Dafür konnten die Spezialkulturen ihren Anteil am gesamten Produktionswert von 17 % im Jahr 1991 auf 24 % im Jahr 2018 steigern. Im aktuellen Umfeld gibt es viele Gründe für den Erfolg von Reben, Obst und Gemüse. Die Produkte des klassischen Ackerbaus sind vermehrt Commodities (Brot- und Futtergetreide, Zucker, Ölsaaten) und haben damit mehr Mühe, am Markt befriedigende Preise zu realisieren. Im Gegensatz dazu haben Getreide und Zucker eine grosse Bedeutung im Hinblick auf die Versorgung der Bevölkerung mit Nahrungsmittelenergie.

Wichtige Trends sind somit die Marginalisierung der Landwirtschaft aufgrund der Produktivitätssteigerung. Dies führt auch im Pflanzenbau zu einer Art innerer Aufstockung: arbeitsintensive Spezialkulturen gewinnen an Bedeutung und die Vielfalt in der Produktion nimmt generell zu. Wesentlich ist die Erkenntnis, dass in einem Hochpreisland die Produktion von hochwertigen Nahrungsmitteln aus wirtschaftlichen Gründen im Vordergrund steht. Angesichts des weltweiten Bevölkerungswachstums, des anhaltenden Rückgangs des Kulturlandes und des Klimawandels ist der Pflanzenbau in Zukunft stark gefordert. Aus statistischer Sicht sind Nahrungsmittelkrisen wie 2006/2007 auch in Zukunft zu erwarten.

Eine Forschung, die sich in den Dienst vielfältiger Anbausysteme stellt

Urs Niggli

Forschungsinstitut für biologischen Landbau (FiBL)

urs.niggli@fibl.org

Die Landnutzungssysteme der Zukunft sind komplex, was die Anforderungen an die Agrarforschenden erhöht. Dieses Umdenken passiert immer noch zu langsam und die technologische Entwicklung im Pflanzenbau erfolgt eher in disziplinären Bahnen. Zu einem Meilenstein in der Systemtheorie entwickelte sich das *Millenium Ecosystem Assessment (MEA, 2005)*, ein globaler Bericht von 1360 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern. Vor allem das Verständnis der Gleichwertigkeit verschiedener Ökosystemdienstleistungen führte zum Durchbruch der Agrarökosystemforschung und bildete das Fundament der breiten Diskussion um die Agrarökologie. Die nachfolgenden Arbeiten zur ökonomischen Bewertung von biologischer Vielfalt und Ökosystemdienstleistungen (TEEB) legten die wissenschaftliche Grundlage für die ganzheitliche Nachhaltigkeitsbewertung, wie sie heute von verschiedenen Teams auch in der Schweiz betrieben wird (SALCA bei Agroscope, RISE an der HAFL, SMART am FiBL). Diese Methoden sind mittlerweile die Grundlage nicht nur für die Beratung und das Benchmarking von Landwirtschaftsbetrieben oder ganzen Wertschöpfungsketten, sondern sie dienen der Gestaltung von nachhaltigen Anbausystemen und agrarpolitischen Massnahmen, welche der Zielerreichung der *Sustainable Development Goals (SDGs)* dienlich sind.

Die landwirtschaftliche Praxis denkt und handelt dagegen in mehr oder weniger „genormten“ Anbausystemen: ÖLN, IP Suisse und Biolandbau. Diese sind einfach zu verstehen, und sie öffnen den Zugang zu Direktzahlungen und Märkten. Sie adressieren aber nur unvollständig die grossen Herausforderungen der SDGs und noch keines optimiert die *Trade-offs* zwischen Produktivität, Schutz der natürlichen Ressourcen, Verbrauch fossiler Energie und sozioökonomischen Anforderungen (z.B. im Bereich bäuerliche Arbeitsbedingungen und Einkommen, Tierwohl) gut genug. So haben alle Anbausysteme Defizite in der Artenvielfalt im Dauergrünland, welche auf die hohen Tierbestände zurückzuführen sind. Die IP-Systeme haben in den Ackerbauflächen wegen der Unkrautbekämpfung und der hohen Stickstoffgaben eine geringe Biodiversität bei Pflanzen und Tieren, welche durch die Saumstrukturen und vom Landwirt neu geschaffenen Habitaten allein nicht kompensiert wird. Die IP-Systeme belasten Boden, Wasser und Luft nach wie vor mit zu viel reaktivem Stickstoff und der Verbrauch an Pflanzenschutzmitteln und

Herbiziden ist trotz aller positiven Anstrengungen immer noch zu hoch. Das alles gilt noch stärker beim ÖLN. Der Biolandbau hat dagegen eine Ertragslücke im Pflanzenbau, welche die ökologische Vorzüglichkeit teilweise mindert (Sanders und Hess, 2019; Seufert and Ramankutty, 2017).

Die Forschung ist also zweifach herausgefordert. Einerseits durch die weitere Optimierung bestehender Anbausysteme und andererseits durch ein Neu-Design von komplexen, resilienten und gleichzeitig produktiven Anbausystemen. Diese Arbeiten wären nicht von Anfang an durch Denkbarrieren eingeschränkt, würden alle Disziplinen fordern, und viel Kreativität auslösen. Da die Agrarwissenschaften mittlerweile in der *Impact*-Forschung sehr weit sind und jegliche Agrarsysteme gut modellierbar sind, kann auch bei Neuentwicklungen laufend ein Realitätscheck gemacht werden.

Wie wichtig die Anbausystemforschung ist, zeigen die neuen Technologien, welche die Landwirtschaft in schnellem Rhythmus verändern. Einerseits die Digitalisierung, welche auch in der Landwirtschaft disruptive Effekte haben wird, andererseits die neuen Züchtungstechnologien und drittens neue Materialien, welche die Nanowissenschaften nutzen. Es wird sehr viel Hoffnung in einzelne Technologien gesteckt, alle ökologischen Probleme zu lösen. Deren Potential für die Entwicklung einer nachhaltigen Landwirtschaft kann jedoch nur genutzt werden, wenn sie in vielfältige Fruchtfolgen, Mischkulturen, Untersaaten und Deckfrüchte, oder fruchtbarkeitsaufbauende Bodenbearbeitung eingebettet sind. Noch anspruchsvoller als im Ackerbau wird es in den Spezialkulturen Gemüse, Obst, Beeren und Wein sein, vielfältige Anbausysteme zu gestalten.

Literatur:

MEA (2005) <https://www.millenniumassessment.org/en/index.html>

Sanders, J. und Hess, J. (2019)

https://www.boelw.de/fileadmin/user_upload/Dokumente/Pflanze/190121_Th%C3%BCnen-Report_65_final.pdf

[Seufert V, Ramankutty N \(2017\) Many shades of gray-The context-dependent performance of organic agriculture. Science Advances 3\(3\):e1602638. doi: 10.1126/sciadv.1602638](#)

TEEB (besucht Januar 2019), <http://www.teebweb.org/our-publications/teeb-study-reports/ecological-and-economic-foundations/#.Ujr1xH9mOG8>

Anbaumassnahmen: Der Schlüssel zur Vermeidung von Fusarienbefall und Mykotoxinbelastung in Getreide

Susanne Vogelgsang¹, Marco Beyer², Matias Pasquali³, Eveline Jenny¹, Tomke Musa¹, Thomas D. Bucheli⁴, Felix E. Wettstein⁴, Hans-Rudolf Forrer¹

¹*Ökologischer Pflanzenschutz im Ackerbau, Agroscope, CH-8046 Zürich*

²*Luxembourg Institute of Science and Technology (LIST), LU-4422 Belvaux*

³*Department of Food, Environmental and Nutritional Sciences, University of Milan, IT- 20133 Milano*

⁴*Umweltanalytik, Agroscope, 8046 Zürich*

susanne.vogelgsang@agroscope.admin.ch

Ährenfusariosen gehören weltweit zu den bedeutendsten Getreidekrankheiten. Neben erheblichen Ertragsverlusten ist diese Krankheit vor allem aufgrund der Belastung des Ernteguts mit Mykotoxinen gefürchtet. Im Rahmen eines 6-jährigen Monitorings wurden 686 Winterweizen-Ernteproben von Schweizer Getreideproduzenten zusammen mit den Informationen zum jeweils dazugehörigen Anbausystem erfasst. Um den Einfluss der Anbaufaktoren auf das Auftreten von Ährenfusariosen abzuschätzen, wurden die geernteten Körner auf den Befall mit unterschiedlichen *Fusarium*-Arten und den Mykotoxingehalt untersucht, sowie die Abundanz der *F. graminearum* (FG)- und *F. poae* (FP)-DNA und drei Chemotypen, 15-acetyl-Deoxynivalenol (15ADON), 3-acetyl-Deoxynivalenol (3ADON) und Nivalenol (NIV), analysiert. Von allen *Fusarium*-Arten traten FG und FP am häufigsten auf und die durchschnittliche Abundanz der FG-DNA war im Vergleich zur FP-DNA 3mal so hoch. Weiterhin wurde der 15ADON-Chemotyp doppelt so häufig nachgewiesen als die 3ADON- und NIV-Chemotypen. Die am häufigsten gemessenen Mykotoxine waren Deoxynivalenol (DON), Zearalenon (ZEA) und Nivalenol (NIV). Von allen erfassten Proben überschritten 11% den Europäischen Grenzwert für unverarbeitetes Getreide für DON bzw. 7% denjenigen für ZEA (1). Das sehr toxische NIV wurde höchstwahrscheinlich durch vier verschiedene *Fusarium*-Arten gebildet: FP, FG sowie *F. cerealis* und *F. culmorum*. Mithilfe einer multiplen Korrespondenzanalyse wurden die Einflüsse der Anbaufaktoren auf die oben aufgeführten Befallsparameter überprüft.

Hohe Werte von FG und DON wurden vor allem in Proben beobachtet, die aus Feldern mit der Vorfrucht Mais, pflugloser Bodenbearbeitung, Sorten mit schlechter Fusarienresistenz und Strobilurin-basiertem Fungizideinsatz stammten (Abb. 1). Andere Vorfrüchte und Pflügen reduzierten den DON- bzw. den ZEA-Gehalt um 78 bzw. 95%. Im Gegensatz dazu waren hohe FP- und NIV-Werte mit Proben aus gepflügten Feldern und der Vorfrucht Raps assoziiert (Abb. 2). Diese Beobachtungen und die negativen Korrelationen zwischen der FP-DNA und dem

FG-Befall, ZEA und DON können ein Hinweis darauf sein, dass FP eine andere ökologische Nische besetzt oder von FG abweichende Infektionsbedingungen benötigt (2).

Der Einfluss von Anbaufaktoren auf den FG-Befall und die Belastung mit DON in Winterweizen wurde zur Entwicklung des Warn- und Prognosesystems FusaProg quantifiziert. Für die Prognose verwendet dieses Internet-basierte Informationssystem parzellenspezifische Angaben zum Anbausystem, Wachstumsstadium und regionale Wetterdaten (3). FusaProg wurde mit über 600 Weizenproben erfolgreich validiert.

Das analog durchgeführte Schweiz-weite Gerstenmonitoring (2013-2014 und fortlaufend) zeigte ein ähnliches Muster wie dasjenige von Weizen, jedoch wies hier die Bodenbearbeitung keinen signifikanten Effekt auf den DON-Gehalt auf (4). In untersuchten Schweizer Haferproben (2013-2015) wurden in 91% aller Proben T-2- und HT-2-Toxine nachgewiesen. Diese Beobachtung ist problematisch, da T-2 und HT-2, ebenso wie NIV, deutlich toxischer sind als DON. Proben der Winterhafersorte ‘Wiland’ und Proben aus Feldern mit Getreidevorfrucht enthielten substantiell mehr T-/HT-2 als Proben anderer Sorten oder aus Feldern mit anderen Vorfrüchten (5).

Unsere Studien zeigen, dass für Getreideproduzenten, die auf eine Mais-Weizen-Fruchtfolge angewiesen sind, weitere Regulierungsstrategien benötigt werden. Diese stehen beim derzeit laufenden EU-Projekt MycoKey im Fokus. Die Anwendung des pilzlichen FG-Gegenspielers *Clonostachys rosea* auf Erntereste der Vorfrucht Mais zeigt erste Erfolge. Derzeit untersuchen wir verschiedene *C. rosea*-Formulierungen, um die Besiedlung und Unterdrückung von FG im Feld noch weiter zu steigern. Zwischenfrüchte und Untersaaten in Mais-Weizen-Fruchtfolgen sowie Biofumigation-Applikationen führten ebenfalls zu signifikanten Reduktionen des DON- und ZEA-Gehalts. Erste Ergebnisse dieser MycoKey-Versuche werden vorgestellt.

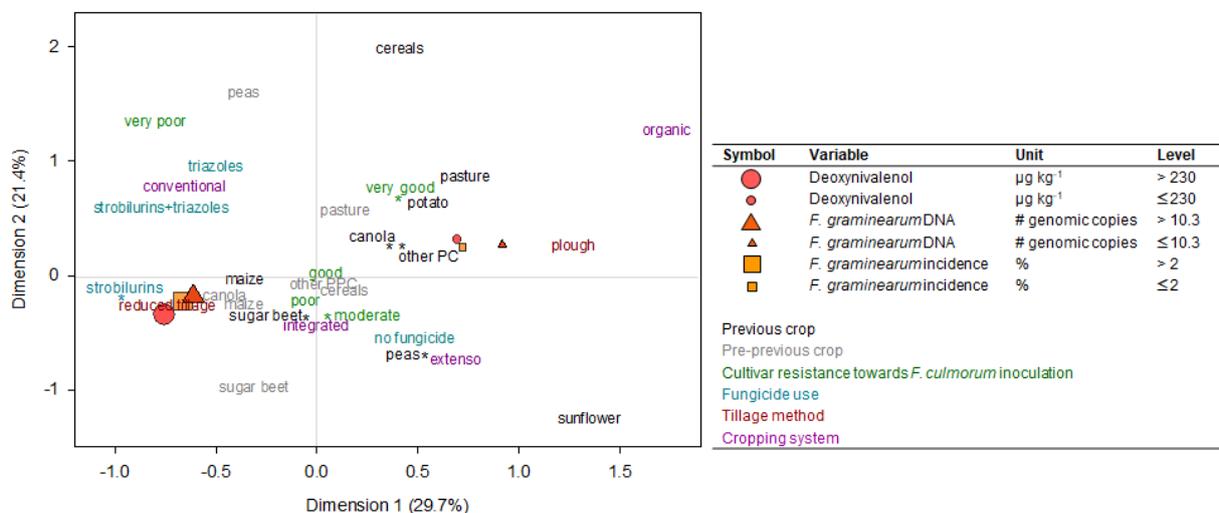


Abb. 1. Grafische Darstellung einer multiplen Korrespondenzanalyse zwischen dem **Deoxynivalenol** (DON)-Gehalt in Winterweizenproben, der Befallsstärke durch *Fusarium graminearum* (Anzahl genomischer Kopien sowie % Befall) und Anbaufaktoren.

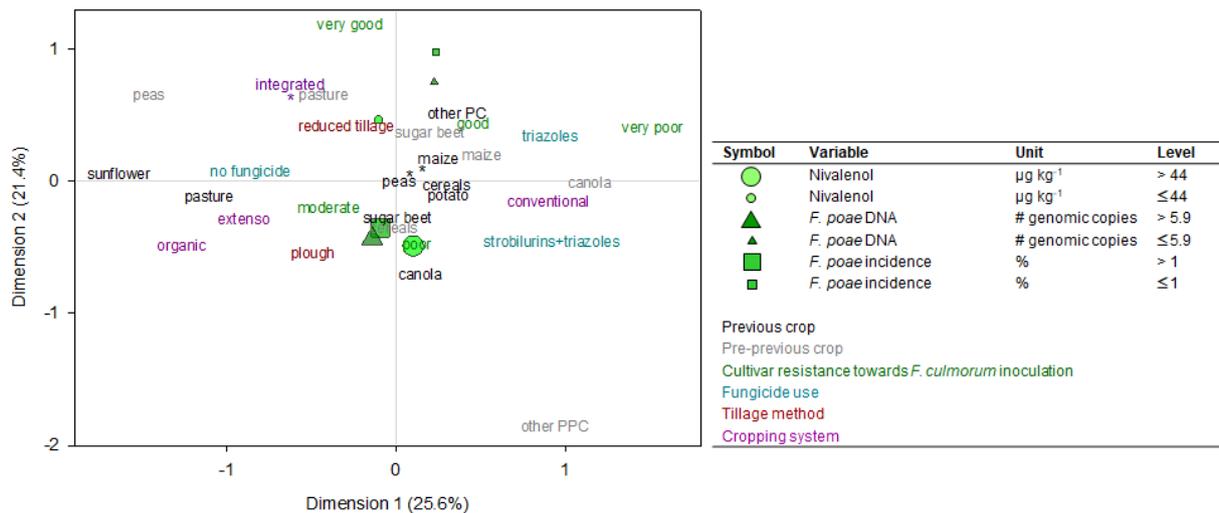


Abb. 2. Grafische Darstellung einer multiplen Korrespondenzanalyse zwischen dem **Nivalenol** (NIV)-Gehalt in Winterweizenproben, der Befallsstärke durch *Fusarium poae* (Anzahl genomischer Kopien sowie % Befall) und Anbaufaktoren.

Literatur:

1. Vogelgsang S, Musa T, Bänziger I, Kägi A, Bucheli TD, Wettstein FE, Pasquali M, Forrer HR (2017) *Fusarium* mycotoxins in Swiss wheat: A survey of growers' samples between 2007 and 2014 shows strong year and minor geographic effects. *Toxins* 9, 246-264.
2. Vogelgsang S, Beyer M, Pasquali M, Jenny E, Musa T, Bucheli TD, Wettstein FE, Forrer HR (2019) An eight-year survey of wheat shows distinctive effects of cropping factors on different *Fusarium* species and associated mycotoxins. *Eur J Agron* 105. 62-77.
3. Musa T, Hecker A, Vogelgsang S, Forrer HR (2007) Forecasting of *Fusarium* head blight and deoxynivalenol content in winter wheat with FusaProg. *OEPP/EPPO Bulletin* 37, 283-289.
4. Schöneberg T, Martin C, Wettstein FE, Bucheli TD, Mascher F, Bertossa M, Musa T, Keller B, Vogelgsang S (2016) *Fusarium* and mycotoxin spectra in Swiss barley are affected by various cropping techniques. *Food Addit Contam: Part A* 33, 1608-1619.
5. Schöneberg T, Jenny E, Wettstein FE, Bucheli TD, Mascher F, Bertossa M, Musa T, Seifert K, Gräfenhan T, Keller B, Vogelgsang S (2018) Occurrence of *Fusarium* species and mycotoxins in Swiss oats - Impact of cropping factors. *Eur J Agron* 92, 123-132.

Charakterisierung und Nutzung genetischer Diversität in der Pflanzenzüchtung

Bruno Studer

Molekulare Pflanzenzüchtung, Institut für Agrarwissenschaften, ETH Zürich

bruno.studer@usys.ethz.ch

Genetische Diversität ist Grundlage eines jeden erfolgreichen Züchtungsprogrammes. Die rasante technologische Entwicklung der letzten 15 Jahre in den Methoden zur Genotypisierung und Sequenzierung von DNA eröffnen neue Möglichkeiten, genetische Diversität präzise zu beschreiben und für die Züchtung zu nutzen.

Die Anwendungsbereiche dieser Methoden zur Erstellung von hochpräzisen Erbgutprofilen sind vielfältig: sie werden genutzt, um pflanzengenetische Ressourcen zu charakterisieren und besonders wertvolles Material in Genbanken längerfristig für die Generationen der Zukunft zu erhalten. Im Züchtungsprozess werden sie eingesetzt, um die genetische Basis des Zuchtmaterials gezielt zu erweitern, komplementäre Genpools mit guten Kombinationseigenschaften zu identifizieren oder – trotz starker Selektion auf bestimmte Merkmale – die notwendige Diversität im Zuchtprogramm zu erhalten. Immer wichtiger werden Ansätze der genomischen Selektion, in welchen diese hochpräzisen Erbgutprofile verwendet werden, den Zuchtwert einer Pflanze mit Modellen zu schätzen.

Die praktische Anwendung und die Auswahl der richtigen Methoden hängen nicht nur von den biologischen Gegebenheiten der jeweiligen Kulturpflanze, sondern auch von der aktuellen Fragestellung ab. Oftmals sind zur Beantwortung dieser Fragestellung Modifikationen und Weiterentwicklungen in den technischen Prozessen notwendig – und spannend!

Anhand von ausgewählten Beispielen aus der aktuellen Forschung soll gezeigt werden, was man aus den neuesten «SNP-Chip» Daten über das Weizenzüchtungsprogramm von Agroscope aussagen kann, wie man für einzelne Individuen entwickelte Methoden erweitern kann, um Allel-Frequenzen in ganzen Buchweizen Populationen präzise zu quantifizieren oder wie die Sequenzierung ganzer Genome zeigt, dass nicht alle Variabilität durch «single nucleotide polymorphisms (SNPs)» erfasst werden kann.

Editorial (2019) Genomics and our future food security. *Nature Genetics* 51(2): 197-197.

Byrne, S., et al. (2013) Genome Wide Allele Frequency Fingerprints (GWAFs) of populations via genotyping by sequencing. *PLOS ONE* 8(3): e57438.

Milner, S. G., et al. (2019) Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics* 51(2): 319-326.

Kurzreferate

Diversität des Weizenanbaus in der Schweiz

Flavio Foiada¹, Karl-Heinz Camp¹, Dario Fossati²

¹*Delley semences et plantes SA*

²*Agroscope*

foiada@dsp-delley.ch

Die Züchtung der wichtigen Ackerkulturen wie Weizen oder Mais steht unter öffentlicher Kritik. Die Meinung, diese Kulturen seien von einer Handvoll internationaler Saatgutkonzerne kontrolliert und die genetische Diversität auf den Feldern sei dadurch stark eingeschränkt, ist weit verbreitet.

Im Gegensatz dazu möchten wir am Beispiel des aktuellen schweizerischen Weizenanbaus zeigen, wie viel Diversität innerhalb dieser Hauptkultur noch steckt. Die in der Schweiz angebaute Weizensorten werden in erster Linie durch die Liste der empfohlenen Sorten von Swissgranum definiert. Diese enthält beim Winterweizen aktuell fast 30 Sorten mit sehr unterschiedlichen agronomischen sowie Qualitätseigenschaften. Ein grosser Teil davon (ca. 70%) stammen aus dem inländischen Weizenzuchtprogramm von Agroscope/DSP, während die üblichen 30% von verschiedenen Züchterfirmen aus dem benachbarten Ausland stammen. Die vom FibL verfasste Liste der empfohlenen Sorten für den Bioanbau enthält zusätzlich noch Sorten aus dem biodynamischen Zuchtprogramm der Getreidezüchtung Peter Kunz.

Alle diese Sorten werden auch tatsächlich angebaut. Auch bei ausländischen Sorten erfolgen Saatgutproduktion und Verkauf in der Schweiz, durch SaatgutproduzentInnen, die in regionalen Vermehrungsorganisationen (VOs) organisiert sind. Die DSP AG, welche zusammen mit Agroscope das Weizenzuchtprogramm führt, gehört diesen VOs. Somit stehen sowohl Weizenzüchtung wie Saatgutproduktion fest in öffentlicher, respektive bäuerlicher Hand. Diese gemeinsame Leistung von Agroscope und der Schweizer Saatgut- und Getreidebranche stellt ein wichtiger Beitrag zur steigenden Sortenvielfalt dar. Dieser Trend wird in der Anbaustatistik der letzten 50 Jahren eindeutig belegt: Während im Jahr 1967 gerade fünf Sorten den Weizenanbau zu fast 100% dominierten, hatten in 2017 die fünf meistangebauten Sorten zusammen nur noch knapp 50% Marktanteil. Auch auf genetischer Ebene bestehen Hinweise, dass die Schweizer Weizenzüchtung zu keiner dramatischen Absenkung der Diversität geführt hat. Die vorhandenen Charakterisierungsstudien mit molekularen Markern deuten auf eine breite genetische Basis im Schweizer Elite-Weizenmaterial hin.

Towards a high-throughput method to measure genetic diversity in grassland

Miguel A. Loera, Bruno Studer, Roland Kölliker

Molecular Plant Breeding, ETH Zürich, 8092 Zürich

miguel.loera@usys.ethz.ch

Despite its economic and ecological relevance, the genetic diversity of grasses and legumes is rarely assessed in large-scale biodiversity surveys. This is due to the fact that morphology-based methods and low-throughput molecular markers are not well-suited for large-scale assessments. In addition, most grass and legume species lack the genomic information needed to develop high-throughput DNA-based methods.

We hypothesize that a set of semi-conserved nuclear loci will provide enough sequence information to efficiently assess species richness and genetic diversity in mixed-species samples of grasses and legumes. We followed a targeted sequencing approach to enrich 611 nuclear loci from multiple genotypes of 16 economically relevant forage species.

The target loci showed increasing within-species diversity as more genotypes were analysed, suggesting that they can be used in an amplicon-based method to measure genetic diversity on a large scale. Furthermore, some loci were also able to discriminate between species, which is a key feature for applications in mixed-species samples.

New insights in below ground nitrogen of clover-grass mixtures and its residual nitrogen potential for subsequent crops

A. Hammelehle^{1,2}, A. Oberson², A. Lüscher¹, P. Mäder³, J. Mayer¹

¹Agroscope, Reckenholzstrasse 191, CH-8046 Zurich

²Institute of Agricultural Sciences, ETH Zürich, Eschikon 33, CH-8315 Lindau

³Institute of Organic Farming, Ackerstrasse 113, CH-5070 Frick

andreas.hammelehle@llh.hessen.de

Introduction: Estimates of symbiotic nitrogen fixation (SNF) in clover-grass mixtures usually take into account only the above ground clover N. Thus, this study aims at quantifying below ground N inputs from SNF by roots and rhizodeposition, their transfer to associated grass and their protection within soil organic matter pools as well as the residual N potentially available for subsequent crops.

Materials and methods: A microplot study with a *Trifolium pratense* - *Lolium perenne* mixture was performed within organic and conventional field plots of the DOK long-term experiment (Hammelehle et al. 2018). Clover was multiple ¹⁵N urea leaf labelled during two cultivation years. Quantification of SNF and fluxes of symbiotically fixed N in the soil plant system was done with a combination of ¹⁵N enrichment and natural abundance approaches. Results of the microplot study were scaled up using data from the DOK field plots.

Results: The mean SNF of clover across organic and conventional treatments was 37 g m⁻² in two years. At the end of the second cultivation year about 5 % of this amount of total SNF was found in clover roots. Over the two years 50% of total SNF went into rhizodeposition from where it continued its flux to soil organic matter pools, microbial and soluble N (15% of total SNF) and the grass (35% of total SNF). At the end of the two years a residual N potential of SNF of 10 g m⁻² was built up. It consisted of clover roots (5% of total SNF), clover stubble (1% of total SNF), grass roots (6% of total SNF), and soil N pools (15% of total SNF).

Conclusion: A realistic estimation of N₂-fixation in clover-grass mixtures needs to take into account below ground N pools and fluxes.

Hammelehle, A., Oberson, A., Lüscher, A., Mäder, P., Mayer, J. (2018) Above- and belowground nitrogen distribution of a red clover-perennial ryegrass sward along a soil nutrient availability gradient established by organic and conventional cropping systems. *Plant and Soil* 425, 507-525.

Erträge von Nutzpflanzen in Mischkulturen vs. Monokulturen in Abhängigkeit von variierenden Umweltbedingungen und Mischungspartnern

Nadine Engbersen und Christian Schöb

Agrarökologie, Departement für Umweltsystemwissenschaften, ETH Zürich

nadine.engbersen@usys.ethz.ch

Beziehungen zwischen Biodiversität und dem Funktionieren von Ökosystemen sind ein großes Forschungsthema in der Ökologie. Es ist allgemein anerkannt, dass zunehmende Vielfalt in Pflanzengesellschaften die Wechselwirkungen zwischen den Pflanzen beeinflusst, welche wiederum die Funktion des Ökosystems beeinflussen. Diese ökologischen Konzepte sind in natürlichen Ökosystemen gut erforscht, ihre Anwendung auf eine landwirtschaftliche Umgebung - wie z.B. in Mischkulturen - ist jedoch selten erfolgt. Hier präsentieren wir Daten von einem Biodiversitätsexperiment mit Kulturpflanzen von landwirtschaftlichem Interesse, bei denen wir Unterschiede in Biomasse und Ertrag zwischen Nutzpflanzen in Mischkulturen und Monokulturen gemessen haben. Wir erwarten einen höheren Ertrag, wenn die Nutzpflanzen in Mischkultur angebaut werden, als wenn sie als Monokulturen angebaut werden. Außerdem erwarten wir, dass Arten, die mit Hülsenfrüchten interkultiviert werden, mehr Ertrag bringen als wenn sie in Monokultur angebaut werden. Um diese Hypothesen zu testen, wurden die Nutzpflanzen in unterschiedlich diversen Kombinationen (Monokultur, Mischkultur mit zwei und vier Arten, isolierte Einzelpflanze), mit Nachbarn verschiedener funktioneller Gruppen (z.B. mit / ohne Leguminosen), in zwei verschiedenen Klimazonen (Spanien und Schweiz), auf zwei Bodenfruchtbarkeitsebenen und mit unterschiedlichen Saatgutursprüngen in einem vollfaktoriellen Design angebaut. Bei den Pflanzen handelt es sich um: Weizen (*Triticum aestivum*), Hafer (*Avena sativa*), Linsen (*Lens culinaris*), blaue Süßlupinen (*Lupinus angustifolius*), Quinoa (*Chenopodium quinoa*), Koriander (*Coriandrum sativum*), Öllein (*Linum usitatissimum*) und Leindotter (*Camelina sativa*).

Ein höherer Ertrag der Nutzpflanzen in Mischkultur im Vergleich zu deren Anbau als Monokultur würde darauf hindeuten, dass Mischkulturen zu «Overyielding» führen und dass die positiven Auswirkungen der biologischen Vielfalt nicht nur auf natürliche Ökosysteme beschränkt sind, sondern auch in landwirtschaftlichen Systemen genutzt werden können. Zudem deutet es darauf hin, dass Pflanzen in Mischkulturen die vorhandenen Ressourcen besser ausschöpfen können und die positiven Wechselwirkungen zwischen Nutzpflanzen in Mischkulturen gefördert werden. Führen vor allem Mischkulturen mit Leguminosen zu einem

«Overyielding»-Effekt, weist dies auf einen «Facilitation»-Effekt durch die Leguminosen hin. Hülsenfrüchte sind bekannt dafür, dass sie mit Hilfe von symbiontischen Bakterien Stickstoff aus der Luft fixieren können und stellen somit eine weitere Nährstoffquelle für den/die Mischungspartner dar.

Reis und Libellen auf temporär gefluteten Flächen in der Nordschweiz

Katja Jacot, Thomas Walter, Gregory Churko, Anja Gramlich

Agroscope

katja.jacot@agroscope.admin.ch

Mit fortschreitendem Klimawandel wechseln sich Starkniederschläge mit Trockenperioden ab. Gleichzeitig sind heute viele Entwässerungs-Anlagen sanierungsbedürftig. Bei Erneuerungen dieser Wasserregulierungen ist es sinnvoll, auch die Produktion auf nassen Flächen einzubeziehen. Eine Möglichkeit mit Wertschöpfungspotenzial wäre der biodiversitätsfreundliche Reisanbau in der Nordschweiz.

In den Jahren 2017 und 2018 wurde an zwei Standorten in der Nordschweiz im Rahmen von Pilotversuchen Reis angebaut. In Ergänzung konnten unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus und in der Klimakammer wichtige Erkenntnisse gewonnen werden.

Für die Feldversuche wurden Loto Reis-Setzlinge und Reiskeimlinge Anfangs Mai in ein geflutetes Feld gesetzt. In einem weiteren Verfahren wurden Reissamen direkt gesät, bevor die Parzellen mittels Pumpe mit Aare- oder Drainagewasser geflutet wurden. Das Feld in Schwadernau wurde vor der Saat planiert und mit einem Damm versehen. In der Grenchner Witi wurde ein bestehender Teich erweitert, indem etwas mehr Wasser in den Weiher gepumpt wurde. Damit sich die Larven von Laubfrosch und Kreuzkröte entwickeln konnten, wies die Reisfläche zwischen April und Ende Juli permanent einen Wasserstand von 10 bis 20 cm auf. Für den Anbau von Reis wurden keine Pflanzenschutzmittel eingesetzt.

Die Setzlinge entwickelten sich im Feld erfreulich und die reifen Körner konnten jeweils Ende August geerntet werden. Im Jahre 2018 wurden im Durchschnitt acht Tonnen Reis pro Hektar geerntet. Gleichzeitig war die Reis-Fläche Lebensraum oder Lebensraumteil von stark gefährdeten Umwelt-Ziel- und -Leitarten wie dem Laubfrosch, der Kreuzkröte, der Bekassine oder Libellenarten.

Der Anbau von Reis auf temporär gefluteten Flächen hat gemäss Modellen auch das Potenzial die Emissionen von Treibhausgasen insbesondere auf organischen Böden im Vergleich zum herkömmlichen Ackerbau markant zu reduzieren. Dies ist jedoch auch noch im Feld unter realen Bedingungen zu messen. Der Reisanbau in der Nordschweiz könnte sich aber auch für Landwirte als lukratives Nischenprodukt lohnen.

Weitere Untersuchungen sind zwingend notwendig, um den Reisanbau auf Feuchtäckern im Mittelland zu optimieren und weiterzuentwickeln. Anbaumethoden und ökologische Auswirkungen sollen in Zukunft verbessert und

evaluiert werden, damit die Produktion von Reis sich zu einer attraktiven Nutzungsalternative im Einklang mit der Natur entwickeln kann.

Crop diversity of ‘Kandyan Forest Gardens’ and their contribution to household nutrient intakes, quality of diet and food and nutrition security

Thamilini J¹, Wekumbura WGCC², Mohotti AJ³, Kumara JBDAP²,
Kudagammana ST⁴, Silva KDRR¹, Frossard E⁵

¹*Department of Applied Nutrition, Faculty of Livestock, Fisheries & Nutrition, Wayamba University of Sri Lanka, Makandura, Gonawila (60170), Sri Lanka*

²*Department of Export Agriculture, Faculty of Agricultural Sciences, Sabaragamuwa University of Sri Lanka, Belihuloya (70140), Sri Lanka.*

³*Department of Crop Science, Faculty of Agriculture, University of Peradeniya, Peradeniya, Sri Lanka.*

⁴*Department of Paediatrics, Faculty of Medicine, University of Peradeniya, Peradeniya, Sri Lanka.*

⁵*ETH Zurich, Institute of Agricultural Sciences, Lindau, Switzerland.
emanuel.frossard@usys.ethz.ch*

Homegardens are sustainable production systems in the tropics, which contributes to biodiversity conservation and household food and nutrition security. A study was conducted to evaluate the crop diversity in typical homegarden systems (‘Kandyan Forest Gardens’) in a rural village in the mid country wet zone of Sri Lanka and to determine the contribution of homegarden production diversity to dietary quality and food security in households. The area contained some organized homegardens (OHG) which were supported by a previous project by means of planting material, agricultural inputs, advices etc. One hundred households with homegardens were evaluated for their household characteristics, land use and home gardening practices. A sub sample of 20 each from OHG and non-organized (NOHG) homegardens were drawn for crop diversity measured through a simple species count. Another sample of households having homegardens with OHG (n=25) or NOHG (n=20) farming practices were studied. Sociodemographic data were collected using a questionnaire. Family food consumption was assessed using a 5-day diet diary. Household food security status was determined using United States Food Security Module. Nutrient intakes, dietary adequacy and contribution of nutrient intake from homegarden were calculated. Dietary Diversity Score (DDS) and Food Variety Score (FVS) for the foods produced in the homegarden and non-homegarden foods were used as a measure of diversity of the diet. A total of 168 crop species were recorded in the homegardens with a greater diversity in OHG compared to NOHG. Homegardens had a small contribution on dietary nutrient intake and much of the diverse food consumed in households were purchased from the market. However, intake of calcium, iron, vitamin C and vitamin A was significantly higher in OHG compared to NOHG, and there was a significantly higher contribution of energy,

carbohydrates, fat, calcium, iron, zinc, folate, thiamin, niacin, vitamin C and vitamin A from the homegardens in OHG compared with NOHG. The contribution of food items from the homegarden to the DDS and FVS was significantly higher in OHG than in NOHG. The type of homegardening practice was not associated with household food security. We conclude that households with more organized homegardening practices had greater and diverse crop combination compared to the households which had homegardens with conventional farming practice. Families with organized homegardens consumed higher amounts of micronutrients, achieved greater dietary nutrient adequacy and greater contribution from homegarden to dietary diversity compared with that of households without organized homegardening practices.

Poster

Exploring the genetic diversity of *Cannabis sativa* L. for breeding

Nina Bratschi, Gavin M. George, Michael E. Ruckle, Yannik Schlup

Pure Cannabis Research AG, Etmatt 273, 4314 Zeiningen

schlup@pureeurope.eu

ruckle@pureeurope.eu

The global cannabis marketplace is one of the fastest growing economies in the world and it is the basis for over 30,000 products, which include pharmaceuticals, nutraceuticals, flavor extracts, feed, food, fiber, oil, protein, and building materials. The expanding genetic diversity in cannabis varieties that are deemed legally non-psychoactive, allows for a new frontier in cannabis breeding.

We have assembled the sequences of the first Pan-genome of cannabis to decode and understand the genetics basis for the diverse characteristics that make cannabis such a fascinating crop. These genome sequences are being used in association studies to identify genomic loci important for traits of interest. In addition, several other functional genomics and molecular breeding resources are being used in parallel to leverage the information of the sequencing project. This molecular information is the foundation of our breeding program, which will be used to generate novel legal cannabis varieties. Examples of applications for new varieties are disease resistance, cultivation under difficult environmental conditions, different cannabinoid and terpenoid profiles, appearance, smell, flavor, and better production. In addition, genomic data can be used for many other purposes, including academic collaborations. In the rapidly growing non-psychoactive cannabis marketplace the addition of new registered varieties that are bred under regulatory oversight will bring cannabis breeding to the level of many other major crops.

Evaluation de la diversité génétique au sein d'un programme de sélection

Dario Fossati¹, Flavio Foiada², Etienne Bucher¹

¹*Agroscope, Amélioration des plantes de grandes cultures, Ressources génétiques*

²*Delley Semences et Plantes SA*

dario.fossati@agroscope.admin.ch

Un sélectionneur ne peut choisir et sélectionner que s'il y a de la diversité. Cette diversité il peut la créer (par exemple par croisement) ou exploiter la diversité déjà existante. Par ses choix, le sélectionneur va ensuite réduire cette diversité en fonction de ses objectifs de sélection. Seul les lignées qui satisfont les buts poursuivis sont retenues. La définition des objectifs, parfois synthétisée sous la description d'un « ideotype » est donc un aspect crucial de la sélection. Un des risques de la sélection est alors d'avoir un choix trop étroit, de définir un « ideotype » trop unique. Car, si les conditions de cultures, au sens large, c'est-à-dire non seulement l'environnement mais aussi les conditions cadres, changent ou si les hypothèses initiales se révèlent fausses ou si encore les caractéristiques souhaitées se révèlent être liées à d'autres caractéristiques négatives, on risque de n'avoir aucune des lignées sélectionnées adaptées au marché visé.

Il est donc essentiel qu'une certaine diversité soit maintenue parmi les géniteurs utilisés et parmi les lignées en sélection.

Un des moyens de vérifier le niveau de proximité des lignées est de comparer leurs ascendances ou bien, depuis quelques années on peut également par le génotypage des lignées en cours de sélection, estimer la proximité génétique entre elles.

Dans le cadre d'un projet de sélection génomique, 920 cultivars ont été caractérisés par génotypage avec des puces à ADN contenant environ 25'000 marqueurs. Il s'agissait de lignées ou de variétés issues du programme de sélection d'Agroscope-DSP ou de variétés étrangères qui ont été en essais de rendement entre 2007 et 2019.

Des travaux préalables avec des puces à 90k SNP et à 20k SNP avaient confirmés les degrés de proximité que l'on pouvait déduire des ascendances de variétés connues. On y reconnaît les variétés issues des mêmes parents, à l'exemple des cv. CH Claro et Siala, ou descendant l'un de l'autre comme pour le cv. Forel qui descend du cv. Forno.

L'arborescence basée sur les puces à 25k SNP donne des indications précieuses sur le niveau de proximité entre les lignées en sélection et a confirmé les degrés de proximité que l'on pouvait déduire des ascendances.

Shedding light on the genetic control of anthracnose resistance in red clover

Lea A. Frey¹, Milena Scandella^{1,2}, Franz X. Schubiger², Bruno Studer¹, Roland Kölliker

¹*Molecular Plant Breeding, ETH Zurich, 8092 Zürich*

²*Fodder Crop Breeding, Agroscope, 8046 Zürich*

lea.frey@usys.ethz.ch

Introduction

Red clover (*Trifolium pratense* L.) is one of the most important forage legumes in temperate climates. It is an excellent feed for cattle due to its high protein content and digestibility, and its ability to fix atmospheric nitrogen also improves and maintains soil fertility (McKenna et al. 2018). In recent years, an increase in red clover crop failure due to southern anthracnose, caused by *Colletotrichum trifolii*, has led to demand for resistant cultivars. This study aims to shed light on the genetic control of anthracnose resistance through genome sequencing, and genome wide association studies.

Materials and methods

Plant material segregating for anthracnose resistance was developed at Agroscope (Zurich, Switzerland) by crossing individual resistant (r) or susceptible (s) plants selected from five cultivars. A total of 432 F₁ progeny of four reciprocal biparental crosses were tested in the greenhouse in a randomized complete block design with four replications. Eight weeks after sowing, plants were spray inoculated with a single-spore isolate as described (Schubiger et al. 2003). Seven weeks after inoculation, the percentage of surviving plants was assessed. Surviving plants were spray inoculated again with a mixture of seven additional isolates and survivors of both inoculations were recorded. Before inoculation, plant material of six-week-old seedlings was taken for DNA extraction. Genotyping by sequencing (GBS) was performed on pooled leaf samples of susceptible and resistant plants, respectively and genomic regions associated with anthracnose resistance were identified.

Results and conclusion

Single-isolate inoculation yielded a segregation ratio of 1:1 in F₁ progenies of crosses between resistant and susceptible parents, and a ratio of 1:0 in F₁ progenies of two resistant parents. This indicates that one dominant gene governs resistance (Fig.1) in all the crosses investigated. Inoculation of the surviving resistant plants

with the isolate mixture resulted in further segregation, suggesting the existence of at least one additional resistance gene and strain-specific resistance.

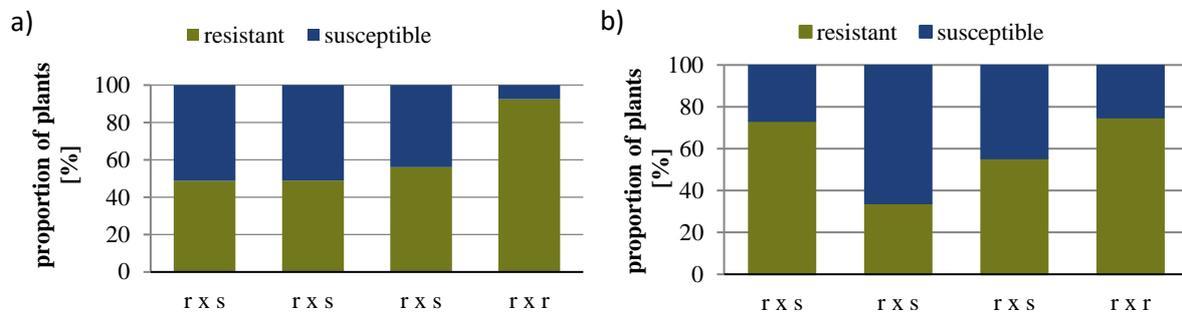


Figure 1. Percentage of F₁ plants resistant (r) or susceptible (s) after inoculating with a) a single spore isolate, b) an isolate mixture

GBS revealed several SNPs potentially associated with resistance, which provide the basis for further characterization of anthracnose resistance in red clover.

McKenna P., Cannon N., Conway J., Dooley J. (2018) The use of red clover (*Trifolium pratense*) in soil fertility-building: A Review. *Field Crops Research* 221, 38–49.

Schubiger F.X., Streckeisen P., Boller B. (2003) Resistance to Southern Anthracnose (*Colletotrichum trifolii*) in Cultivars of Red Clover (*Trifolium pratense*). *Czech J. Genet. Plant Breed.* 39, 309–312.

Auf der Suche nach robusten Apfelsorten

Jennifer Gassmann

Agroscope, 8820 Wädenswil

jennifer.gassmann@agroscope.admin.ch

Im Vortrag steht die Obstart Apfel im Fokus. Sie hat unter den in der Schweiz produzierten Obstarten die grösste wirtschaftliche Bedeutung.

Vielfalt und genetisches Potenzial bei den Obstgenressourcen sind in der Schweiz sehr hoch, aktuell stehen 1506 Apfel-Genotypen auf der Positivliste. Die Apfelsorten werden in 38 Sortensammlungen abgesichert. Die Erhaltung durch vermehrte Nutzung ist ein Ziel des Nationalen Aktionsplans (NAP-PGREL) jedoch nicht für jede Sorte realistisch. Heute sind beim Apfel vor allem saftig-knackige, gut lagerbare Früchte mit makelloser Optik zum Frischkonsum gefragt. Ob in Zukunft beispielsweise eher kleinere, gelbrote, säuerliche Sorten gefragt sein könnten, ist schwierig abschätzbar und eine grosse Herausforderung für die Züchter von neuen Sorten. Es darf davon ausgegangen werden, dass sich Konsumenten zukünftig Früchte wünschen, welche mit weniger Pflanzenschutzmittel produziert werden.

Traditionelle 'alte' Sorten sind allerdings nicht generell robuster gegenüber Krankheiten als moderne Sorten. Die Bandbreite ist sehr gross. Auf der Suche nach den Top-Kandidaten werden in den Projekten von FRUCTUS bei Agroscope in Wädenswil die Apfelsorten aus dem NAP-Inventar auf Robustheit gegenüber den Krankheiten Feuerbrand, Schorf, Mehltau und Blattfallkrankheit *Marssonina coronaria* durchsucht. In einem Langzeit-Freilandversuch haben unter 630 Sorten 30 Top-Kandidaten mit hoher Schorf- und Mehлтаurobustheit gepunktet. Untersuchungsergebnisse zu Feuerbrand und Marssonina-Robustheit wurden hinzugefügt und mit ersten Beobachtungen zu Lagerfähigkeit und Verarbeitungseigenschaften ergänzt. Die 30 Top-Kandidaten werden derzeit für die Züchtung genutzt und auf Anbaueignung unter Bio-Bedingungen geprüft. In den nächsten Jahren folgen weitere Krankheits-Screenings unter den verbleibenden 750 Apfelakzessionen der Schweiz.

Es gibt noch keine grossflächigen Anbauversuche zu den traditionellen 'alten' Apfelsorten, bei denen detaillierte Daten zu Baumeigenschaften, Standort- und Unterlageneinflüssen oder auch Verarbeitungseigenschaften von grösseren Mengen erhoben werden können.

Forum Ackerbau

Barbara Graf

Bildungszentrum Wallierhof, 4533 Riedholz

barbara.graf@vd.so.ch

Wer sind wir?

Das Forum Ackerbau ist ein Zusammenschluss von Ackerbaufachleuten der landwirtschaftlichen Bildungs- und Beratungszentren und arbeitet mit verschiedenen Partnern zusammen.

Wir legen gemeinsam Ackerbauversuche an, um fundierte Informationen für die Berufsbildung, Weiterbildung und Beratung von Landwirten zu gewinnen. Die Versuchsthemen erstrecken sich über Fragen rund um Produktionstechnik, Sorten, Düngung und Pflanzenschutz im Ackerbau. Mit den Erkenntnissen wollen wir die Wirtschaftlichkeit des Ackerbaus stärken.

Wir verstehen uns als Bindeglied zwischen Praxis und anwendungsorientierter Forschung im Ackerbau und pflegen die Zusammenarbeit mit landwirtschaftlichen Organisationen (Branchenorganisationen, Saatgutvermehrung und -handel).

Das Forum Ackerbau hat Einsitz in den technischen Kommissionen der swiss granum für Brotgetreide, Futtergetreide, Eiweissfrüchte und Ölsaaten. Zudem ist es in der Fachgruppe Pflanzenbau des Schweizerischen Bauernverbandes vertreten.

Aktuelle Versuche

Bei diversen Versuchen arbeiten wir mit Partnern zusammen. Bei den Sortenversuchen Weizen und Gerste sind dies Agroscope, swiss granum und die Groupe Culture Romandie.

Weiter bewegen wir uns neben den klassischen Sortenversuchen bei Weizen und Gerste auch in anbautechnischen Themen und anderen Kulturen. Aktuell laufende Versuche:

- Herbizidfreier Weizen- und Maisanbau
- Hacken in den Kartoffeln
- Untersaaten in Raps
- Fungizidstrategien im Weizen
- IP-Suisse-Mischungen Weizen
- Effiziente Düngung von Silomais
- Mais-Bohnen-Mischanbau
- Vergleich von zweizeiligen und sechszeiligen Gerstensorten
- Sorten- und Intensitätsversuch mit neuen Dinkelsorten

- Sortenversuch Sonnenblumen und Raps

Unsere Versuche werden gleichzeitig an mehreren Standorten und mindestens über drei Jahre geführt. Wir veröffentlichen unsere Resultate in der landwirtschaftlichen Presse, an den Veranstaltungen der Mitglieder und über die Internetseite (www.forumackerbau.ch). Alle zwei Jahre organisieren wir eine Infotagung, an welcher wir unsere Versuchsergebnisse präsentieren.

Breeding strategies for a spring-barley spring-pea mixed cropping system

Benedikt Haug¹, Monika M. Messmer¹, Jérôme Enjalbert², Isabelle Goldringer²,
Pierre Hohmann¹

¹*FiBL Research Institute of Organic Agriculture, Frick (Switzerland)*

²*INRA Le Moulon, Gif-sur-Yvette (France)*

benedikt.haug@fibl.org

Crop mixtures consisting of cereals and legumes have proven as a well-adapted arrangement since they are complementary for their resource needs, especially in terms of nitrogen acquisition. They combine high yield performance with high yield stability and can contribute to a diversified Swiss cropping landscape. Recent high demand for locally-grown protein sources and investments in post-harvest separation technologies have fostered their adoption by Swiss farmers, especially in the organic sector. Under Swiss conditions, a mean land equivalent ratio of 1.21 in spring-barley-pea mixtures can be expected. These mixtures are mostly composed of the best performing varieties under pure stand growing conditions. This practice neglects the large amount of inter-species interactions that are present in crop mixtures and the potential to exploit them. Until now no dedicated screening and breeding strategy for mixture performance has been developed.

In the framework of the European project ReMIX, an incomplete factorial design combined with a mixed model methodology is applied to determine general and specific mixing ability (GMA and SMA, respectively) of spring pea (*Pisum sativum* L.) and spring barley (*Hordeum vulgare* L.). We use the concept of GMA and SMA in analogy to a testcross trial in hybrid breeding. In the experiments we are testing mixtures and pure stands of a morphologically diverse panel of 32 pea and eight barley cultivars in replicated field trials at two locations in Switzerland over two years. Key traits, such as e.g. early vigour, canopy height and leaf morphology parameters are measured, due to their potential use as covariates or indirect selection criteria for mixing ability. First year's results confirm that mixture yield can only be partly explained by pea pure stand yields ($R^2=35$), making the latter a weak predictor for mixture yield. Pea GMA variance was predominant over SMA variance which underlines the potential for breeding for mixing ability. The incomplete factorial design proved a resource efficient screening method. Key traits, such as pea stipule area were correlated ($R^2=56$) with mixture yield and merit further investigation as indirect selection criteria. A model for estimating breeding values for mixed crop performance, variance components for GMA and SMA as well as suggestions for integrating key-traits

such as leaf morphology as co-variates into breeding strategies for a cereal-legume mixed cropping system will be presented.

Wheat growth rate during stem elongation shows a highly heritable temperature response

Lukas Kronenberg¹, Steven Yates², Achim Walter¹, Andreas Hund¹

¹*Crop Science Group, ETH Zurich*

²*Molecular Plant Breeding Group, ETH Zurich*

lukas.kronenberg@usys.ethz.ch

Stem elongation (SE) is a critical phase for yield formation in wheat. During this period, active spike growth takes place as the spike is pushed up the stem. Spike dry weight at anthesis is closely related to grain number per spike, a critical determinant of potential yield in wheat. A prolongation of stem elongation has therefore been proposed to increase dry matter accumulation of the spike, increasing potential yield (Whitechurch et al., 2007). As high temperatures accelerate SE, altering the sensitivity to temperature could be an avenue to prolong SE duration. However, little is known about the genetic control of temperature response during stem elongation.

By using terrestrial 3D-Laserscanning mounted on the Field Phenotyping Platform (FIP) of ETH Zurich, stem elongation rates were monitored on a set of > 300 European wheat varieties (GABI wheat panel; Zanke et al., 2014) in high temporal resolution in three years (2015-2017). The assessed wheat population showed large genotypic variation for beginning, end and duration of SE (Kronenberg et al., 2017). A linear model was used to describe genotype-specific growth response to temperature during SE. Applying spatial-temporal splines (Rodríguez-Álvarez et al., 2018) on the raw data to correct for field heterogeneity and time point specific measurement errors increased model fits. The growth response to temperature was highly heritable ($H^2 = 0.81$). We were able to predict final height with an average accuracy of $R^2 = 0.84$ solely using the intercept and slope of the temperature response together with the temperature sum during SE. A GWAS for the temperature response (slope) yielded stable QTL across the three years that are linked to putative candidate genes controlling growth response to temperature in wheat.

Kronenberg, L., Yu, K., Walter, A., and Hund, A. (2017). Monitoring the dynamics of wheat stem elongation: genotypes differ at critical stages. *Euphytica* 213, 157.

Rodríguez-Álvarez, M.X., Boer, M.P., van Eeuwijk, F.A., and Eilers, P.H.C. (2018).

Correcting for spatial heterogeneity in plant breeding experiments with P-splines. *Spatial Statistics* 23, 52–71.

Whitechurch, E.M., Slafer, G.A., and Miralles, D.J. (2007). Variability in the Duration of Stem Elongation in Wheat and Barley Genotypes. *J. Agron. Crop Sci.* 193, 138–145.

Zanke, C., Ling, J., Plieske, J., Kollers, S., Ebmeyer, E., Korzun, V., Argillier, O., Stiewe, G., Hinze, M., Neumann, K., et al. (2014). Whole Genome Association Mapping of Plant Height in Winter Wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLoS ONE* 9.

Einsatz von Gründungen im Bio-Ackerbau mit reduzierter Bodenbearbeitung

Pascale Sperling und Hans Ramseier

BFH-HAFL
pascale.sperling@bfh.ch

Insbesondere auf viehschwachen Ackerbaubetrieben in der biologischen Landwirtschaft ist der Stickstoff ein teures und rares Element. Dieses Projekt fokussiert sich auf die Konservierung und Umsetzung von Stickstoff mit abfrierenden leguminosenbasierten Gründungsmischungen sowie den Auswirkungen auf die Folgekultur Mais bei reduzierter Bodenbearbeitung im Vergleich zum Pflugeinsatz.

Im Spätsommer 2017 wurden auf drei Landwirtschaftsbetrieben im Kanton Bern nach der Getreideernte Streifenversuche (30-60a) mit drei von der HAFL entwickelten Gründungsmischungen angelegt: 107 (Futtererbse, Sommerwicke, Perserklee, Phacelia), 111 (Futtererbse mit reduziertem Anteil, Sommerwicke, Alexandrinerklee, Sonnenblume, Phacelia) und 208 (Futtererbse, Sommerwicke mit reduziertem Anteil, Alexandrinerklee, Inkarnatklee, Phacelia). Diese Mischungen wurden auf ihre Unkrautunterdrückung, Ertragsleistung, Stickstoffspeicherung und ihr C/N-Verhältnis untersucht. Im folgenden Frühling 2018 wurde die Hälfte der Versuchsflächen gepflügt, die andere Hälfte reduziert bearbeitet. Anschliessend wurde die Jugendentwicklung des Mais untersucht (Pflanzenhöhe und Chlorophyllgehalt) und der Ertrag gemessen.

Bei der Unkrautunterdrückung gab es keinen deutlichen Unterschied zwischen den Mischungen. Bezüglich der Biomasse (60 Tage nach der Saat) schnitt die Mischung 111 (41.3dt TS/ha a) besser ab als 107 (32.8 b), aber auch die Mischung 208 (39.5 ab) zeigte ein gutes Potential. Letztere schien tendenziell das höchste Stickstoffanreicherungspotential zu haben (144kg N/ha), jedoch statistisch nicht gesichert. Bei der ersten Messung der Pflanzenhöhe des Mais (5 Wochen nach der Saat) schnitt die reduzierte Bodenbearbeitung erstaunlicherweise besser ab als der Pflug ($p=0.04$). Die Mischung 208 bewährte sich als bester N-Lieferant, was die Messung des Chlorophyllgehalts zeigte ($p<0.000$). Während der Jugendentwicklung konnte der Mais den Stickstoff aus der Mischung 111 bei der reduzierten Bodenbearbeitung am wenigsten effizient nutzen, vermutlich auf Grund des etwas weiteren C/N-Verhältnisses. Auf den Ertrag des Mais hatten die Mischungen keinen Einfluss mehr ($p=0.372$). Mit dem Pflug konnten im Durchschnitt 26dt TS/ha mehr erzielt werden als mit der reduzierten Bodenbearbeitung ($p<0.000$), mit Ausnahme eines Standorts: wegen des flachgründigen Bodens und der sehr trockenen Vegetationsperiode 2018 zeigte dort die reduzierte Bodenbearbeitung einen Vorteil im Ertrag (+14dt/ha).

Buchweizenanbau in der Schweiz: neue Sorten für eine alte Nischenkultur

Simon Strahm¹, Dominik Füglistaller², Christina Lädach², Andrea Enggist, Adeline Thuet, Carolin Luginbühl, Hans Ramseier², Jürg Hiltbrunner¹

¹*Agroscope, 8046 Zürich, Schweiz*

²*Berner Fachhochschule BFH, Hochschule für Agrar-, Forst- und Lebensmittelwissenschaften HAFL*

simon.strahm@agroscope.admin.ch

Der Buchweizenanbau hat in der Schweiz eine lange Tradition. Ursprünglich bereits 2500 v. Chr. in der Region China angebaut, breitete sich der Buchweizen im Mittelalter über Kirgistan, Tadschikistan und Usbekistan nach Europa und auch in die Schweiz aus [1]. Durch die Intensivierung des Ackerbaus im 19. Jahrhundert verlor der Anbau allerdings nach und nach an Bedeutung. Mittlerweile steigt die Nachfrage nach Buchweizen, insbesondere auch aus inländischer Produktion, wieder an. Da Buchweizen nicht mit anderen Ackerkulturen verwandt ist, eignet er sich gut zur Auflockerung der Fruchtfolge. Ernährungsphysiologisch ist Buchweizen aufgrund seines Gehaltes an Zink und Selen sowie seiner Glutenfreiheit für Konsumenten von Interesse.

In den Jahren 2015 bis 2018 wurden 14 verschiedene Buchweizensorten unterschiedlicher Herkunft in Kleinparzellenversuchen auf ihre agronomischen Eigenschaften hin untersucht und miteinander verglichen. Als Referenz wurde die in der Schweiz bereits angebaute Sorte La Harpe gewählt. In einem weiteren Versuch wurden die Auswirkungen verschiedener Saaddichten auf das Wachstum und den Ertrag bei den Sorten Devyatka und La Harpe erforscht.

Die Resultate der Sortenversuche zeigen, dass die neueren Züchtungen aus Russland sowohl eine gute Jugendentwicklung als auch höhere Kornerträge als die anderen Sorten erzielten. Die vorhandene Determinanz der russischen Sorten führt zudem zu kürzeren Pflanzenlängen und gleichmässig abreifenden Körnern, was die Bestimmung des richtigen Erntezeitpunktes sowie die Ernte im Direktdruschverfahren vereinfachen. Die Untersuchung der Saaddichte lieferte keine abschließende Antwort. Obwohl der Ertrag mit zunehmender Saaddichte tendenziell abnimmt, sollte die optimale Saaddichte situationsbedingt ermittelt werden. Ein guter Richtwert ist dabei eine Saaddichte von 180 Körnern/m², wobei bei geringem Unkrautdruck auch eine tiefere Saaddichte möglich ist. Saaddichten grösser als 360 Körnern/m² sind nicht zu empfehlen.

Inwieweit diese agronomischen Abklärungen und die künftige Verfügbarkeit ausgewählter russischer Buchweizensorten zu einer Ausdehnung des Schweizer Buchweizenanbaus beitragen, wird sich zeigen. Bedarf für weitere Abklärungen besteht noch in der mechanischen Unkrautregulierung sowie der Schäleignung der Buchweizensorten.

[1] Zeller F. J., 2001. Buchweizen (*Fagopyrum esculentum* Moench): Nutzung, Genetik, Züchtung. Die Bodenkultur 52 (3), 259-271.

Silosorghum – eine Alternative für Silomais in trockenen Lagen?

Tiziana Vonlanthen, Ueli Buchmann, Jürg Hiltbrunner

Agroscope, Kompetenzbereich Pflanzen und pflanzliche Produkte, Sorten und Anbautechnik, 8046 Zürich

tiziana.vonlanthen@agroscope.admin.ch

Das aus Afrika stammende *Sorghum bicolor* (L.) Moench (Mohrenhirse), ist in der Schweiz noch eine wenig bekannte Kultur. Aufgrund der sich ändernden klimatischen Bedingungen könnten seine Eigenschaften aber Teil der Lösungen für bevorstehende Herausforderungen sein. Sorghum ist wie Mais eine C4-Pflanze und an trockene Bedingungen angepasst. Des Weiteren wird es nicht oder wenig durch den Maiszünsler (*Ostrinia nubilalis*) und überhaupt nicht durch den Maiswurzelbohrer (*Diabrotica virgifera*) befallen. Es hat ein hohes Biomasspotenzial und die Körner eignen sich sowohl als Futtermittel als auch für die Humanernährung. Da die Körner kein Gluten enthalten, können sie von Personen, die an Zöliakie erkrankt sind, ohne Einschränkung gegessen werden (FAO, 1995).

Die Nachfrage für den Anbau von Silosorghum als Futtermittel hing in den letzten Jahren vor allem von der Sommerwitterung beziehungsweise den Futtervorräten ab. In vielen Fällen bauten die Landwirte nicht über mehrere Jahre Sorghum an, sondern die Fluktuation der Produzenten war vergleichsweise hoch. Die angebaute Fläche war in der Schweiz verhältnismässig klein. Kenntnisse über den Sorghumanbau für die Silagegewinnung sind in der Schweiz limitiert. Wie sich die Sorghumsorten unter unsere Anbaubedingungen verhalten ist wenig bekannt. Es ist deshalb wichtig, bei der für Schweizer Bedingungen begrenzten Auswahl an Sorten, diejenigen zu eruieren, die an unsere Anbaubedingungen angepasst sind und Informationen über Ertragsvermögen und Qualität zu sammeln.

Aus diesem Grund wurden sieben Sorghumsorten in Kleinparzellenversuchen in vier verschiedenen Saaddichten ausgesät. Als Vergleich wurden zwei Maissorten in die Versuche integriert. Im trockenen Sommer 2019 erzielten drei Sorghumsorten höhere TS-Erträge als die bekannte Sorghumsorte Sole und zwei Sorghumsorten sogar höhere TS-Erträge als die Maissorten Figaro und Metronom. Die verschiedene Saaddichten unterschieden sich im ersten Jahr nicht signifikant voneinander.

Trait spotting: Development of software routines and protocols for reliable remote phenotyping of field experiments and variety trials

Lukas Roth, Helge Aasen and Andreas Hund

Crop Science, Institute of Agricultural Sciences, ETH Zurich

lukas.roth@usys.ethz.ch

Unmanned aerial vehicles (UAV) are increasingly used for field observations in science, but applications in breeding are yet sparse. As a consequence, time and effort needed to manually screen for genotypes with improved phenotype has become a major issue.

The reason for the lack of established UAV-based phenotyping methods may be threefold:

- (1) Proper flight planning and camera parameter adjustment is difficult, but essential to get images of sufficient quality,
- (2) Extraction and management of plot-based data from images is challenging, as breeding experiments consists of hundreds and thousands of small plots,
- (3) Reliable methods to extract phenotyping traits are yet rare.

The main aim of the project Trait spotting is to improve this situation: In a first part, we developed and released a tool-set that supports users in planing and performing successful UAV based remote sensing mission. In a second part, methods to extract and manage plot-based information from standard remote sensing products such as orthophotos, but also from more specialized products such as individual oblique images or point clouds, will be developed. In a third part, calibration field experiments and replicated multi-location field experiments will serve as base to develop reliable and relevant phenotyping methods. Wheat (*Triticum aestivum* L.) and soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) will be main crops of investigation. The examined genotypes as well as the multi-location field experiments will be part of the breeding program of a Swiss plant breeder, DSP Delley Semences et Plantes SA.

Autorinnen und Autoren

Aasen H, 39
Beyer M, 7
Bratschi N, 24
Bucheli TD, 7
Bucher E, 26
Buchmann U, 38

Camp KH, 12
Churko G, 18

Engbersen N, 16
Enggist A, 36
Enjalbert J, 32
Erdin D, 2

Füglistaller D, 36
Foiada F, 12, 26
Forrer HR, 7
Fossati D, 12, 26
Frey LA, 27
Frossard E, 20

Gassmann J, 29
George GM, 24
Goldringer I, 32
Graf B, 30
Gramlich A, 18

Hammelehle A, 15
Haug B, 32
Hiltbrunner J, 36, 38
Hohmann P, 32
Hund A, 34, 39

Jacot K, 18
Jenny E, 7
Kölliker R, 14, 27
Kronenberg L, 34
Kudagammana ST, 20
Kumara JBDAP, 20

Lädrach C, 36
Lüscher A, 15
Loera-Sanchez M, 14
Luginbühl C, 36

Mäder P, 15
Mayer J, 15
Messmer MM, 32
Mohotti AJ, 20
Musa T, 7

Niggli U, 5

Oberson A, 15

Pasquali M, 7

Ramseier H, 35, 36
Roth L, 39
Ruckle ME, 24

Scandella M, 27
Schöb C, 16
Schlup Y, 24
Schubiger FX, 27
Silva DRR, 20
Sperling P, 35
Strahm S, 36
Studer B, 10, 14, 27

Thamilini J, 20
Thuet A, 36

Vogelgsang S, 7
Vonlanthen T, 38

Autorinnen und Autoren

Walter A, 34

Walter T, 18

Wekumbura WGCC, 20

Wettstein FE, 7

Yates S, 34

Wir danken der Akademie der
Naturwissenschaften Schweiz für die
Unterstützung dieser Veranstaltung

sc | nat 

Swiss Academy of Sciences
Akademie der Naturwissenschaften
Accademia di scienze naturali
Académie des sciences naturelles