

Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung II  
- Biometrie und Populationsgenetik -  
Justus - Liebig - Universität Gießen

**Analyse der genetischen Diversität von  
wildwachsenden Futterpflanzen aus der Sahelzone  
in Westafrika anhand von RAPD - Markern**

Inaugural - Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades (Dr. rer. nat.)  
am Fachbereich Biologie der Justus-Liebig-Universität Gießen

**vorgelegt von  
Andreas Langsdorf**

**Gießen 1999**

**„Without the exceptional powers possessed by grasses to grow again after being eaten almost down to the roots, a large number of animal species, including nearly all farm animals could not have evolved. It is possible to argue that the astounding success of *Homo sapiens* as a species is ultimately due to the power possessed by grass to grow again after being eaten down by animals“**

(HYAMS 1971)

# Inhaltsverzeichnis

<b>1.</b>	<b>Einleitung .....</b>	<b>1</b>
<b>2.</b>	<b>Regionaler Überblick .....</b>	<b>9</b>
2.1	Allgemeines .....	9
2.2	Klima .....	10
2.3	Böden .....	16
2.4	Flora und Vegetation .....	17
2.5	Landwirtschaft .....	18
2.6	Desertifikation .....	18
<b>3.</b>	<b>Material und Methoden .....</b>	<b>21</b>
3.1	Auswahl der Untersuchungsflächen .....	21
3.2	Auswahl der Pflanzen-Stichproben .....	34
3.3	Arbeitsmethoden .....	35
3.3.1	DNA - Extraktionsmethoden .....	35
3.3.2	Die Polymerase Ketten Reaktion (PCR) .....	37
3.3.3	Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) .....	38
3.3.4	Datenauswertung .....	42
3.3.4.1	RFLPscan .....	43
3.3.4.2	Distanz- und Ähnlichkeitsmaße .....	45
3.3.4.3	Clusteranalyse .....	47
3.3.4.4	Varianzanalyse .....	47
3.3.4.5	Hauptkoordinatenanalyse .....	48
3.3.4.6	Diskriminanzanalyse .....	49
<b>4.</b>	<b>Ergebnisse .....</b>	<b>50</b>
4.1	RAPD-Untersuchungen bei <i>Brachiaria</i> .....	50
4.2	Morphologische Bestimmung verschiedener <i>Brachiaria</i> -Arten .....	54
4.3	RAPD-Untersuchungen bei fünf <i>Brachiaria</i> -Arten .....	57
4.3.1	<i>Brachiaria xantholeuca</i> .....	60
4.3.1.1	Clusteranalyse bei <i>B. xantholeuca</i> .....	65
4.3.1.2	Diskriminanzanalyse bei <i>B. xantholeuca</i> .....	68
4.3.1.3	Varianzanalyse bei <i>B. xantholeuca</i> .....	69
4.3.1.4	RAPD-Untersuchungen am Standort <i>H4</i> .....	71
4.3.1.5	RAPD-Untersuchungen am Standort <i>H5</i> .....	73

4.3.1.6	RAPD-Untersuchungen am Standort <i>H10</i> .....	74
4.3.1.7	RAPD-Untersuchungen am Standort <i>Maradi</i> .....	75
4.3.1.8	Vergleich der Standorte <i>H1, H2, H4</i> und <i>H10, H11, H13</i> .....	77
4.3.2	RAPD-Untersuchungen bei <i>Brachiaria nidulans</i> .....	79
4.3.2.1	Clusteranalyse bei <i>Brachiaria nidulans</i> .....	80
4.3.2.2	Hauptkoordinatenanalyse bei <i>Brachiaria nidulans</i> .....	83
4.3.2.3	Diskriminanzanalyse bei <i>Brachiaria nidulans</i> .....	84
4.3.2.4	Varianzanalyse bei <i>Brachiaria nidulans</i> .....	84
4.3.3	<i>Brachiaria orthostachys</i> .....	85
4.3.3.1	Clusteranalyse bei <i>B. orthostachys</i> .....	86
4.3.3.2	Hauptkoordinatenanalyse bei <i>B. orthostachys</i> .....	89
4.3.3.3	Diskriminanzanalyse bei <i>B. orthostachys</i> .....	90
4.3.3.4	Varianzanalyse bei <i>B. orthostachys</i> .....	91
4.3.4	<i>Brachiaria ramosa</i> und <i>Brachiaria lata</i> .....	92
4.4	<i>Zornia glochidiata</i> .....	96
4.4.1	Clusteranalyse bei <i>Zornia glochidiata</i> .....	99
4.4.2	RAPD-Untersuchungen am Standort <i>T1</i> .....	101
4.4.3	RAPD-Untersuchungen am Standort <i>T3</i> .....	102
5.	Diskussion.....	104
6.	Zusammenfassung .....	117
7.	Literaturverzeichnis.....	119
	Abbildungsverzeichnis.....	127
	Tabellenverzeichnis.....	129
	Abkürzungsverzeichnis.....	131
	Chemikalienverzeichnis .....	132

## 1. Einleitung

Typische Merkmale der Sahelzone sind Trockenheit, abnehmende Niederschläge, geringe natürliche Ressourcen. Die Länder in dieser Region gehören zu den Ärmsten in der Welt. Große Teile der Staaten Niger, Mali, Tschad und Mauretanien sind von der Wüste Sahara bedeckt. 50 % der Fläche des Staates Niger erhält weniger als 100 mm Niederschlag im Jahr (ANNUAIRE METEOROLOGIQUE DU NIGER 1994). Ein schmaler Streifen im Süden des Landes ist durch eine hohe Bevölkerungsdichte und intensive Landnutzung gekennzeichnet, wobei Viehzucht und Trockenfeldbau (*Pennisetum glaucum* und *Sorghum bicolor*) die wichtigsten Lebensgrundlagen darstellen. Extensiver Ackerbau und Überweidung zerstören jedoch große Teile der für den Menschen nutzbaren Gebiete im Sahel (Verknappung der Futterpflanzen). Da diese Gebiete nur bedingt für den Ackerbau geeignet sind, werden die angelegten Hirsefelder nach einigen Jahren wieder aufgegeben. Die Folgen sind zunehmende Desertifikationsprozesse (MENSCHING 1990). Wildwachsende Futterpflanzen wie z.B. *Brachiaria*, *Zornia*, *Alysicarpus*, *Dactyloctenium* und *Cenchrus* stellen in diesen Gebieten ein wichtiges Futterpotential dar, das im Falle *Cenchrus* auch vom Menschen direkt als Nahrungsquelle genutzt wird (IBPGR 1984). Diese Pflanzen sind durch den Besitz von Hitze- und Trockenresistenzen optimal an die extremen Klimate der Sahelzone angepaßt. Sie stellen somit wichtige pflanzengenetische Ressourcen in der Pflanzenzüchtung dar (MILES et al. 1996).

Im Rahmen des vom BMZ (Bundesministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit) finanzierten und in Zusammenarbeit mit dem IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute) / Rom und dem ICRISAT (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics) / Niamey am Botanischen Garten und Botanischen Museum Berlin / Dahlem (Herrn Prof. Greuter) ausgeführten Forschungsprojektes "*Patterns of genetic diversity in wild forage species and in situ - conservation in the Sahel*" wurde ein Unterprojekt mit der Universität Gießen abgeschlossen. Dieses Projekt wurde am Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung II unter der Leitung von Herrn Prof. Dr. W. Köhler durchgeführt. 1993-1996 wurden von der Projektleiterin Fr. Dr. H. Kusserow in Mali, Burkina Faso und Niger insgesamt 44 Testflächen eingerichtet und über mehrere Jahre Blattproben der ausgewählten Zielarten gesammelt, nach Gießen gebracht und dort mit molekulargenetischen Markern analysiert. Weitere Blattproben und Samen (soweit möglich) wurden am ICRISAT in Niamey unter der Leitung von Herrn I. Salifou mit biochemischen Methoden (Isozymanalyse) untersucht (KUSSEROW 1997).

Innerhalb des Gesamtprojektes wurden folgende Fragen und Untersuchungsschwerpunkte definiert:

1. Inwieweit besteht ein Zusammenhang zwischen dem regionalen Verteilungsmuster ausgewählter Zielarten und ihrer genetischen Diversität; Unterscheiden sich Arten in ihrem genetischen Muster in Abhängigkeit edaphischer und klimatischer Prozesse? Verändert sich das genetische Muster über mehrere Sammeljahre hinweg ?
2. Was leisten die eingesetzten Untersuchungstechniken (biochemische und molekulargenetische Analysen) in Bezug auf oben angegebene Fragestellung; ergänzen sie sich, ist eine zu bevorzugen oder zu gering auflösend, um Unterschiede interpretieren zu können? Hier steht die Etablierung von auf die Zielarten angepaßten Analysetechniken im Vordergrund.
3. Vegetationsklassifizierung ausgewählter Gebiete mit dem Ziel der Definition von Pflanzengesellschaften. Über die Vergesellschaftung der Zielarten lassen sich Erkenntnisse über Veränderungen des Gesamtbestandes ableiten (Bearbeitung Fr. Dr. K. Küppers, Uni Frankfurt/ Main).
4. Monitoring (Luft und Satellitenbilder) von Pflanzengesellschaften, Untersuchung von Änderungen der Landoberfläche (Vegetation-Bodenkomplexe) und Abschätzungen der Gefährdung einzelner Gebiete (Bearbeitung Fr. Dr. H. Kusserow, FU Berlin; Fr. A. Oestreich, FU Berlin; Fr. A. Perschon, TU Berlin).
5. Erarbeitung ethnobotanischer Daten und Untersuchungen zu Weidepraktiken der einheimischen Bevölkerung in Hinblick auf eine *in situ*-Konservierung ausgewählter Zielarten (Bearbeitung Fr. L. Creemers, FU Berlin).

In der vorliegenden Untersuchung wurden die Punkte 1 und 2 bearbeitet und mit Hilfe molekulargenetischer Methoden (RAPD-PCR) die genetische Variabilität der beiden wildwachsenden Futterpflanzen *Brachiaria* und *Zornia* aus der Sahelzone / Westafrika analysiert.

Die Gattung *Brachiaria* wurde erstmals von TRINIUS (1834) beschrieben und in die Unterordnung *Panicum* eingeordnet. GRISEBACH definierte 1853 *Brachiaria* als neue Gattung innerhalb der Familie *Poaceae* (*Gramineae*), die heute aus etwa 100 verschiedenen Arten besteht. 1919 wurden von STAPF 56 afrikanische Arten neu klassifiziert, 1940 folgte von PILGER eine weitere Revidierung für insgesamt 50 Arten weltweit. CLAYTON and RENVOIZE (1986) stellten *Brachiaria* zusammen mit den Gattungen *Urochloa*, *Eriochloa* und *Panicum* in die Unterfamilie *Paniceae*. 1987 revidierte WEBSTER die systematische Einteilung einiger australischen *Brachiaria*-Arten und transferierte sie in die Gattung *Urochloa*. 1992 wurden von MORRONE und ZULOAGA weitere *Brachiaria*-Arten aus Südamerika in die Gattung *Urochloa* aufgenommen.

Aufgrund morphologischer Gemeinsamkeiten vieler *Brachiaria*-Arten zu *Panicum*, stellt der Royal Botanic Garden in Kew, London, die Gattung *Brachiaria* in die Familie *Panicum* (MILES et al. 1996). RENVOIZE et al. (1996) untersuchten 97 *Brachiaria*-Arten weltweit und konnten 83 davon auf der Basis von morphologischen Merkmalen (Infloreszenz) in 9 Gruppen einordnen. Danach ließen sich afrikanische *Brachiaria*-Arten morphologisch von *Panicum*-Arten trennen, bei amerikanischen Arten war dies nur teilweise möglich. Vier der fünf in der vorliegenden Arbeit untersuchten *Brachiaria*-Arten wurden von RENVOIZE et al. (1996) in zwei Gruppen eingeteilt:

Gruppe I:

Untergruppe Ia: *B. orthostachys* *B. lata*

Untergruppe Ib: *B. ramosa*

Gruppe II: *B. xantholeuca*

SCHOLZ hingegen definiert (KUSSEROW et al. 1999; im Druck) für die fünf hier untersuchten *Brachiaria*-Arten drei morphologische Gruppen, die er der Gattung *Urochloa* zuordnet. Danach stehen im Unterschied zu RENVOIZE et al. *Urochloa xantholeuca* und *U. orthostachys* in der ersten Gruppe, *U. ramosa* und *U. nidulans* in der zweiten und *U. lata* in der dritten Gruppe. *B. nidulans* (= *U. nidulans*) stellt eine neue Klassifizierung dar, die von SCHOLZ (in KUSSEROW et al. 1999) erstmals beschrieben wird (s.u.). *Brachiaria* findet man an den unterschiedlichsten Habitaten, z.B. in feuchten Savannen Süd-amerikas wie auch in den Tropen- und Subtropen Afrikas. Die Gattung ist morphologisch sehr heterogen und man kann zwischen bodendeckenden und aufsteigenden Formen mit einer Höhe von über 2 m unterscheiden.

Gruppe Ia:	<i>Urochloa xantholeuca</i>
Ib:	<i>Urochloa orthostachys</i>
Gruppe IIa:	<i>Urochloa ramosa</i>
IIb:	<i>Urochloa nidulans</i>
Gruppe III:	<i>Urochloa lata</i>

Die fünf in dieser Arbeit untersuchten Arten sind einjährig, davon ist *B. xantholeuca* am häufigsten im Sahel Westafrikas vertreten (LE HOUËROU 1989).

Einige andere Arten gehören zu den wichtigsten tropischen Futtergräsern in Zentral- und Südamerika. Sieben aus Afrika eingeführte perennierende Arten (*B. arrecta*, *B. brizantha*, *B. decumbens*, *B. dictyoneura*, *B. humidicola*, *B. mutica*, *B. ruziensis*) werden heute in Südamerika als Futterpflanzen eingesetzt (KELLER-GREIN et al. 1996). Allein in Brasilien gibt es ca. 40 Mio. ha Anbauflächen, die zu 85 % aus *B. decumbens* und *B. brizantha* bestehen (DO VALLE & MILES 1994). *Brachiaria decumbens* und *B. brizantha* sind apomiktisch und deshalb in der Pflanzenzüchtung von besonderem Interesse. CIAT in Kolumbien arbeitet seit einigen Jahren an der Erforschung des Apomixis-Gens, u.a. mit dem Ziel der Einklonierung in andere Kulturpflanzen (TOHME et al. 1996; PESSINO et al. 1997). Dies wurde bereits bei den Getreidearten Perlhirse, Mais und Weizen erfolgreich durchgeführt (CARMAN 1992). Neben Apomixis findet man bei *B. decumbens* und *B. brizantha* besondere Schattentoleranzen, sie werden deshalb oft als Bodendecker in Kokos- und Gummipflanzungen Südostasiens eingesetzt (SHELTON et al. 1987). Nachteilig wirkt sich hingegen die Anfälligkeit gegenüber dem „Spittlebug“-Käfer (*Homoptera: Cercopidae*) aus, der jährlich große Teile der Ernte vernichtet (VALERIO et al. 1996).

Seit Anfang der 50er Jahre wurden etwa 1000 Samen von insgesamt 33 bekannten *Brachiaria*-Arten in Samenbanken gesammelt, wobei die ökonomisch wichtigsten Arten *B. brizantha* (40 %) und *B. decumbens*, *B. humidicola*, *B. nigropedata*, *B. jubata* und *B. ruziensis* am stärksten vertreten sind (KELLER-GREIN et al. 1996). Arten aus der Sahelzone wurden bisher nur wenig gesammelt, bisher sind sie weder molekulargenetisch noch biochemisch untersucht worden.

*Zornia glochidiata* (Reichb. Ex DC.) ist eine annuelle Futterpflanze und gehört in die Familie *Papilionaceae* (Leguminosen). Es werden auch die Synonyme *Z. biarticulata* (G. Don) und *Z. diphylla* verwendet (IBPGR 1984). Sie ist im gesamten Sahel, Sudan bis in die feuchten Tropen verbreitet, wächst auf sandigen und lateritischen Böden (*Brousse tigrè*), wobei sie

nach LE HOUËROU (1989) mindestens 200 mm Niederschlag pro Jahr benötigt. Sie erreicht eine Höhe von etwa 50 cm, eignet sich sehr gut für Silage, weniger jedoch für Heu, da sie im Trockenzustand sehr brüchig wird (BARTHA 1970; IBPGR 1984). Da *Zornia* mehrere Keimimpulse benötigt, findet man sie in der Regel erst in der Hauptregenzeit oder in der unmittelbaren Nähe von Bohrlöchern bzw. Brunnen. Die Keimung kann durch Anritzen der Samen beschleunigt werden. Keimungstests im Labor (ICRISAT, Niamey) zeigten, daß Samen von Lateritplateaus geringere Ausbeuten (10%) lieferten als solche von Sandstandorten (30%) (KUSSEROW 1997). Neben *Zornia glochidiata* findet man die aus Südamerika eingeführte ausdauernde *Z. latifolia*, in feuchteren Gebieten wie Äthiopien, Somalia, Kenia und Tansania hingegen die ausdauernde Art *Z. apiculata* (IBPGR 1984). Es gibt bisher keine molekulargenetischen oder biochemischen Untersuchungen dieser Futter-pflanze.

Seit einigen Jahren beobachtet man u.a. in der Sahelzone eine drastische Abnahme pflanzengenetischer Ressourcen, d.h., große Weideareale gehen durch den extensiven Anbau von Hirsefeldern verloren und werden durch Desertifikationsprozesse zerstört (MENSCHING 1990). Seit der UNCED-Konferenz in Rio 1992 und der Internationalen Technischen Konferenz der FAO über pflanzengenetische Ressourcen in Leipzig 1996 wurde ein "Global Plan of Action" verabschiedet, der u. a. vorsieht, durch eine *ex situ*- und *in situ*-Konservierung wichtige pflanzengenetische Ressourcen zu erhalten. Zu diesen bedrohten Pflanzen werden mittlerweile auch die wildwachsenden Gräser und Leguminosen der Sahelzone gezählt, die durch den Besitz von Hitze- und Dürre-resistenzen für die Pflanzenzüchtung von großem Interesse sind (MC CUSKER 1991; MILES et al. 1996).

Molekulare Marker, wie z.B. RFLP-Marker (Restriction Fragment Length Polymorphism) werden seit Anfang der 80er Jahre erfolgreich in der Untersuchung von Pflanzenpopulationen eingesetzt (BOTSTEIN et al. 1980, BURR et al. 1983). Obwohl diese Methode sehr viel aufwendiger und teurer als die Isozymanalyse ist, und teilweise noch auf radioaktive Chemikalien angewiesen ist, erweist sie sich als wesentlich ergiebiger, was die Anzahl auswertbaren Markern anbelangt. Trotzdem werden Isozyme weiterhin als biochemischer Marker zur Analyse der genetischen Variabilität in Pflanzenpopulationen eingesetzt. Durch die Auftrennung der Proteine im elektrischen Feld und anschließender Anfärbung der allelischen Varianten können Polymorphismen sichtbar gemacht und ausgewertet werden. Der neuere Einsatz von Celluloseacetatgelen (WYNNE et al. 1991) vereinfacht die Laborarbeit erheblich und findet trotz geringerer Markerausbeute wieder verstärkte Anwendung. So konnten innerhalb des Projektes (Durchführung I. Salifou, ICRISAT, Niger) mit nur 6

Enzymsystemen nahezu alle Untersuchungsstandorte bei *Brachiaria xantholeuca* differenziert werden (KUSSEROW 1997). Diese Ergebnisse stellen die ersten Untersuchungen wildwachsender Futterpflanzen aus der Sahelzone mit Hilfe von Isozymmarkern dar. Bisherige Analysen beschäftigten sich hauptsächlich mit den wichtigen Kulturpflanzen Hirse (TOSTAIN et al. 1987; WARWICK 1987; WERTH et al. 1984), Mais (GOODMAN & STUBER 1980), Sojabohne (BLOGG & IMRIE 1982), Cassava (OCAMPO et al. 1993), Zuckerrohr (GLASZMAN et al. 1988), tropischem Getreide (ASIEDU 1992) und Kuherbse (VAILLANT et al. 1993).

Ebenso konzentrieren sich die Untersuchungen mit RFLP-Marker vorwiegend auf ökonomisch wichtige Futterpflanzen. So konnten PESSINO et al. 1997 nach einer Kreuzung zwischen einer apomiktischen und einer allogamen *Brachiaria*-Art zwei RFLP- und einen RAPD-Marker in der F1-Generation identifizieren, die mit dem Apomixis-Merkmal gekoppelt sind. Weitere Apomixis-Marker konnten von LUBBERS et al. (1994) und GUSTINE et al. (1997) bei verschiedenen *Pennisetum*-Arten identifiziert werden, so daß man heute davon ausgeht, daß sich das Apomixis-Gen auf einem „single-locus“ befindet und von dort die Aposporie steuert.

Die zur Zeit am häufigsten verwendeten molekularen Marker stellen die RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)-Marker dar. Diese Technik wurde zeitgleich von WELSH & MCCLELLAND und WILLIAMS et al. 1990 entwickelt. Durch den Einsatz von 9-10 bp langen, zufällig ausgewählten DNA-Sequenzen (Primer) werden genomische Regionen amplifiziert, die „inverted repeats“ aufweisen. Das Ergebnis ist ein Bandenmuster aus unterschiedlich großen DNA-Fragmenten, das für den untersuchten Organismus charakteristisch ist und als „DNA-Fingerprint“ bezeichnet werden kann. RAPD-Marker sind dominante Marker, d.h. in Diploiden zeigen Homozygote und Heterozygote das gleiche Bandenmuster.

Durch die einfache und schnelle Versuchsdurchführung sind RAPD-Marker besonders zur Untersuchungen von größeren Pflanzenpopulationen geeignet. HUFF et al. untersuchten (1993) natürliche Büffelgrass-Populationen (*Buchloè dactyloides*) in Mexiko und Texas und konnten mit nur sieben RAPD-Primer vier Populationen differenzieren, die regional und ökoklimatisch voneinander getrennt sind. HUFF et al. betonen, daß auch eine Stichprobe von nur 12 Individuen für populationsgenetische Untersuchungen ausreichend sein kann. Entscheidend hierbei ist der Einsatz geeigneter Primer. Für die Analyse der genetischen Variation innerhalb regionaler Populationen schlagen HUFF et al. jeweils 25 Individuen vor. In einer weiteren Untersuchung dieser Arbeitsgruppe (PEAKALL et al. 1995) wurden die gleichen Populationen mit Allozym-Markern untersucht, wobei lediglich die beiden regionalen Biotypen klar differenziert werden konnten.

RAPD-Untersuchungen liefern nicht zuletzt aufgrund der höheren Anzahl an Markern mehr genetische Variation als Allozyme, dies zeigten auch Untersuchungen bei *Allium* (WILKIE et al. 1993), *Apium* (YANG & QUIROS 1993), *Brassica* (HU & QUIROS 1991), *Hordeum* (DAWSON et al. 1993), *Theobroma* (RUSSELL et al. 1993) und *Stylosanthes* (KAZAN et al. 1993). Obwohl die Auflösung der genetischen Struktur durch das Dominanzverhalten eingeschränkt ist, werden RAPD-Marker in den unterschiedlichsten Gebieten eingesetzt, so z.B. bei der Erstellung genetische Karten wichtiger Kulturpflanzen (Sojabohne, WILLIAMS et al. 1990; Tomaten, KLEIN-LANKHORST et al. 1991; *Sorghum*, TAO et al. 1993; Weizen, DEVOS & GALE 1992), in der Virusresistenzzüchtung (Gerste, ORDON et al. 1998, SCHIEMANN et al. 1998) oder zur Hybrididentifizierung (Mais, WELSH et al. 1991; Sonnenblume, MÖSGES & FRIEDT 1994; KÖHLER 1997; Alfalfa, GJURIC & SMITH 1996, YU & PAULS 1993). Weiterhin zeigten RAPD-Untersuchungen bei Erbsen (RATNAPARKHE et al. 1995), Linsen (SHARMA et al. 1995) und Erdnuß (HALWARD et al. 1991), daß die genetische Diversität innerhalb der wildwachsenden Arten wesentlich höher als in Kulturpflanzen ist.

Es gibt zur Zeit keine genetischen Analysen von Futtergräsern aus der Sahelzone. Von größerem Interesse waren bisher vielmehr Ertrags- und Futterwertanalysen (NG et al. 1991, LE HOUËROU 1989; GLATZLE 1990, MILES et al. 1996). M'RIBU & HILU (1994) und HILU (1994) untersuchten vier verschiedene *Panicum*- Getreidearten aus Europa, Asien und Nordamerika mit RAPD-Marker und konnten diese mit 11 Primer voneinander differenzieren. Ebenso wurden von GUNTER et al. (1996) 14 Populationen des Präriegrases *Panicum virgatum* in Nordamerika mit 5 Primer identifiziert. PEAKALL et al. (1993) und HUFF et al. (1995) untersuchten natürliche Büffelgras-Populationen (*Buchloè dactyloides*) aus Texas und Mexiko mit Allozym- und RAPD-Marker. Als Ergebnis konnten sie mit Hilfe von RAPD-Markern regionale und individuelle Unterschiede verschiedener Populationen feststellen. Weitere molekulargenetische Untersuchungen bei Futterpflanzen führten KAZAN et al. (1992) und (1993) bei *Stylosanthes* durch. Hier konnten mit Hilfe der RAPD-PCR unterschiedliche Linien charakterisiert werden, die zuvor taxonomisch nicht eindeutig zugeordnet werden konnten.

Die beiden in der vorliegenden Arbeit untersuchten einjährigen Pflanzen *Brachiaria* und *Zornia* sind wildwachsende Gräser bzw. Leguminosen, die für die Viehhalter der Sahelzone eine wichtige Futterquelle darstellen. Durch Überweidung sowie Überstockung der Viehherden in Verbindung mit Dürreperioden hat sich jedoch die Vegetation der Sahelzone in den letzten Jahrzehnten dahin verändert, daß große Weideflächen zunehmend degradieren und

nur noch geringe Futtererträge bringen (LE HOUËROU 1989). Durch diese extremen Bedingungen verschwinden viele wichtige, ausdauernde Gräser und Leguminosen und werden durch einjährige, robustere Pflanzen ersetzt, die meistens vom Vieh verschmäht werden und sich dadurch ungehindert ausbreiten können. *Brachiaria* und *Zornia* stellen zwei wichtige Vertreter wildwachsender Futterpflanzen dar, wobei *Brachiaria* mit mehreren Arten im gesamten Sahel vertreten ist. *Zornia* zeichnet sich u.a. durch minimale Bodenansprüche aus, man findet sie deshalb besonders auf den verkrusteten Lateritplateaus, die für die meisten anderen Futterpflanzen keine Lebensgrundlage darstellen.