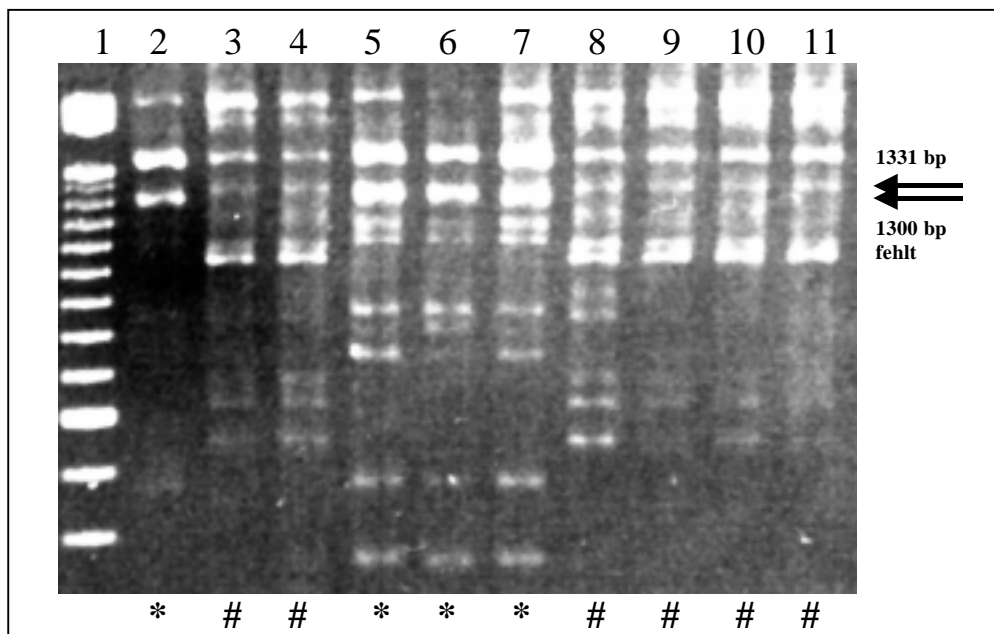


**Abb. 26:** Standortspezifische RAPD-Marker in *Sevarè*. Die Individuen B273-B277 wurden mit den Primern Y-02 (a) und B-18 (b) amplifiziert.

- a) Lane 1 = Längenstandard (BRL ladder)  
 Lane 2-6 = (B273-B277). Der Marker Y02-974 fehlt bei diesen fünf Individuen
- b) Lane 1 = Längenstandard (BRL ladder)  
 Lane 1-6 = (B273-B277). Die vier Marker B18-1683, B-18-728, B-18-700, B-18-575 werden nur in *Sevarè* amplifiziert.



**Abb. 27:** Standortspezifische RAPD-Marker in *Diffa-II*. Die Individuen B408-B417 wurden mit dem Primer Y-16 amplifiziert (B408, B411-B413 = *B. nidulans*). Der Marker Y-16-1331 wird nur am Standort *Diffa-II* amplifiziert, wohingegen der Marker Y-16-1300 hier fehlt.

- Lane 1 = Längenstandard (BRL ladder)  
 Lane 2, 5-7 = B408; B411-B413 (*B. nidulans* \*)  
 Lane 3, 4, 8-11 = B409, B410, B414-B417 (*B. xantholeuca* #)

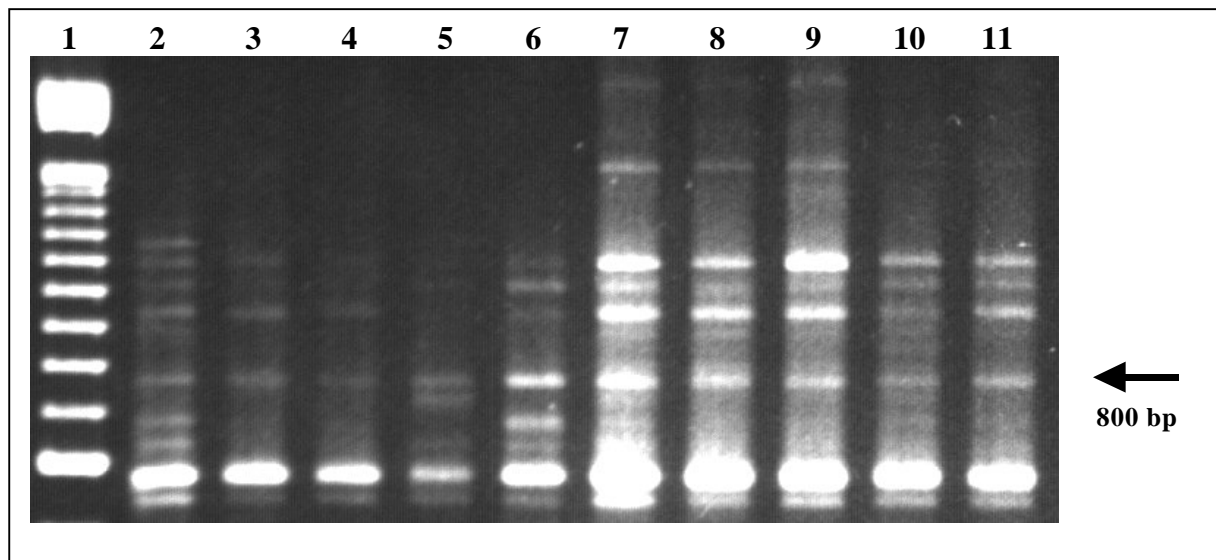


Abb. 28: Standortspezifische RAPD-Marker in *Ouahigouya*. 10 Individuen (B83-B92) wurden mit dem Primer Y-20 amplifiziert. Der Marker Y20-800 ist für diesen Standort charakteristisch.

Lane 1 = Längenstandard (BRL ladder)

Lane 2 = B83    Lane 3 = B84    Lane 4 = B85    Lane 5 = B86    Lane 6 = B87

Lane 7 = B88    Lane 8 = B89    Lane 9 = B90    Lane 10 = B91    Lane 11 = B91

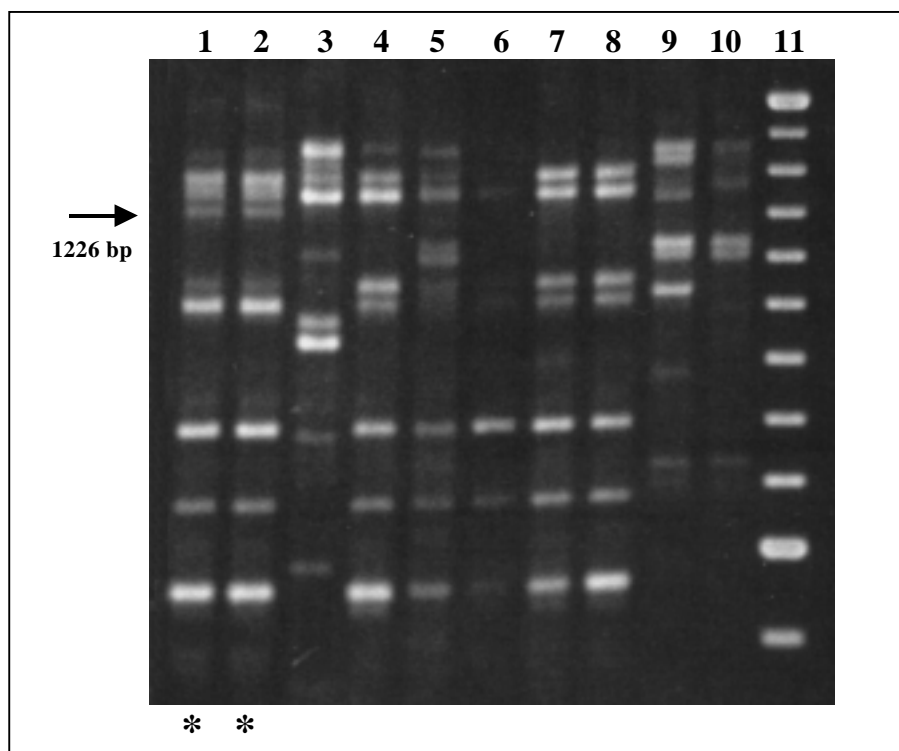
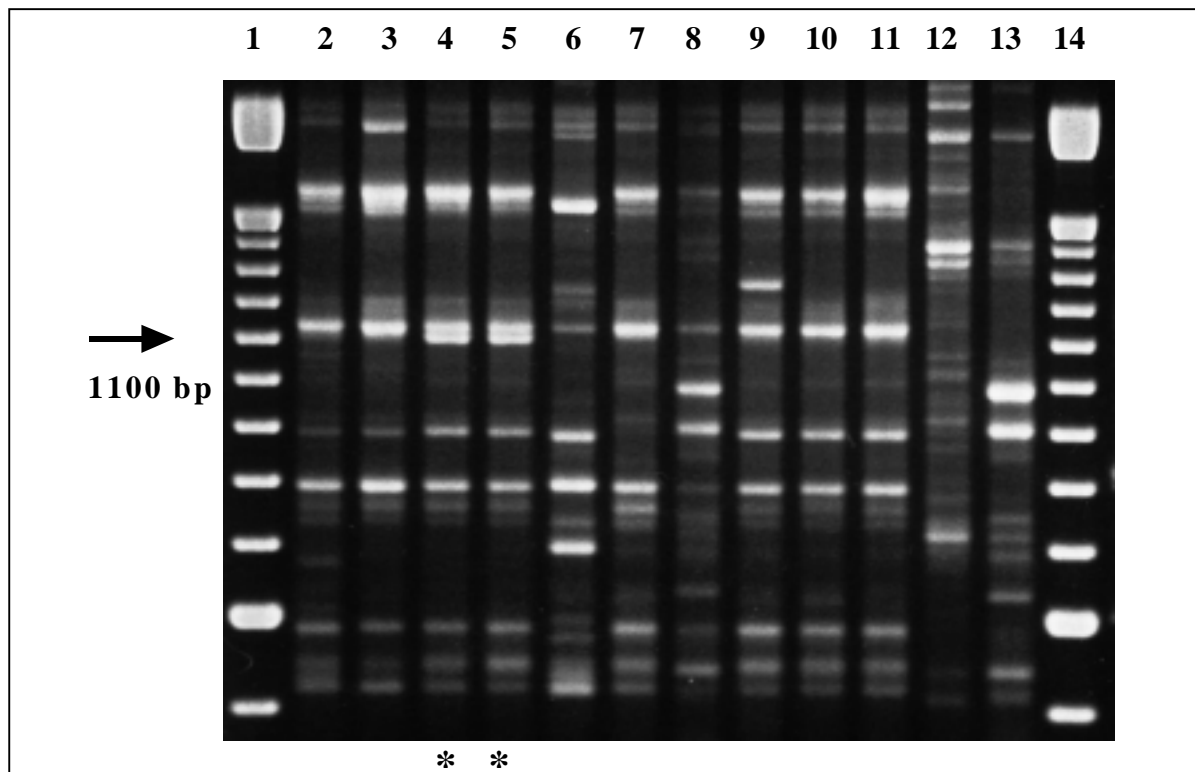


Abb. 29: Standortspezifische RAPD-Marker in *Maradi* 1994. Die Individuen B61-B70 (verschiedene *Brachiaria*-Arten) wurden mit dem Primer A-07 amplifiziert. Der Marker A-07-1226 wird nur am Standort *Maradi* (B61 und B62) amplifiziert.

Lane 1-2 = B61, B62 (*Maradi* 1994, *B. xantholeuca*\*)

Lane 3-10 = B63 (*B. nidulans*), B64-B68 (*B. xantholeuca*), B69 (*B. ramosa*), B70 (*B. lata*)

Lane 11 = Längenstandard (BRL ladder)



**Abb. 30:** Standortspezifische RAPD-Marker in *Maradi* 1994. Die Individuen B59-B70 (verschiedene *Brachiaria*-Arten) wurden mit dem Primer A-18 amplifiziert. Der Marker A-18-1100 wird nur am Standort *Maradi* (B61 und B62) amplifiziert.

Lane 1+11 = Längenstandard (BRL ladder)

Lane 2,3,6-10 = B59, B60 (*B. xantholeuca*), B63 (*B. nidulans*), B64-B68 (*B. xantholeuca*), B69 (*B. ramosa*), B70 (*B. lata*)

Lane 4+5\* = B61, B62 (*Maradi* 1994, *B. xantholeuca*)

#### 4.3.1.1 Clusteranalyse bei *B. xantholeuca*

Die Berechnung der genetischen Ähnlichkeit wurde mit dem Assoziationskoeffizient nach Dice (1945) durchgeführt. Dieser Dice-Index variierte bei *B. xantholeuca* von 0.769 bis 1.00 und betrug im Mittel 0.946. Mittels der Clusteranalyse unter Verwendung der UPGMA-Methode wurden die paarweise berechneten Ähnlichkeiten (Dice-Indices) graphisch dargestellt. Hierbei wurden mehrere Cluster berechnet, wobei einige davon bestimmten Standorten zugeordnet werden konnten. Tab. 10 faßt die Ergebnisse dieser Clusteranalyse zusammen. Danach wurden 10 Cluster mit insgesamt 70 *B. xantholeuca* Individuen näher beschrieben. Da die restlichen 118 der insgesamt 188 untersuchten Individuen nicht oder nur unvollständig nach Standorten gruppiert wurden und verstreut im Dendrogramm liegen, wurden sie in der folgenden Auswertung zunächst nicht berücksichtigt:

*Ouahigouya* in Burkina Faso (Cluster I) und *Sevarè* in Mali (Cluster II) werden zuerst abgetrennt. Beide Standorte sind geographisch voneinander und den restlichen Standorten

isoliert. Die Entfernung zwischen *Sevarè* und *Ouahigouya* beträgt 170 km Luftlinie, zum nächsten Standort *H4* sind es etwa 350 km Luftlinie. Die frühe Abtrennung der *Sevarè*-Proben (B273-B277) vom Gesamtcluster ergibt sich daraus, daß 28 % der ermittelten RAPD-Marker (25 der 111 RAPD-Marker) nur am Standort *Sevarè* nachgewiesen werden konnten.

9 dieser 25 RAPD-Marker waren für *Sevarè* standortspezifisch und werden in allen fünf hier untersuchten Individuen amplifiziert (Tab. 9). Für *Ouahigouya* konnte im Unterschied zu *Sevarè* nur ein standortspezifischer RAPD-Marker identifiziert werden, der in Abb. 28 dargestellt ist.

Die Individuen der Sammeljahre 1994 und 1995 aus *Maradi* wurden in die Cluster III und IV eingeordnet, 1996 bildete kein eigenes Cluster. Für *Maradi*-1994 wurden zwei spezifische RAPD-Marker gefunden, die in Abb. 29 und Abb. 30 beschrieben werden.

Cluster V zeigt den Standort *Diffa-II* 1996, für den ein standortspezifischer RAPD-Marker gefunden wurde (Abb. 27). Cluster VI enthält neun von insgesamt zehn Individuen aus *Takieta* 1996, die zehnte Probe unterscheidet sich deutlich vom Standort *Takieta* und wird im Dendrogramm nach den beiden ersten Clustern aus *Sevarè* und *Ouahigouya* abgetrennt. In Cluster VII wurden neun von zehn Individuen aus *Maradi-Zinder* eingeordnet, eine Probe liegt außerhalb dieses Clusters. Cluster VIII beschreibt mit drei Proben den Standort *H11*. Cluster IX enthält die beiden Sammeljahre 1994 und 1996 von *H5*, eine Trennung beider Jahre findet nicht statt. Die Proben aus *H5*-1995 bildet kein eigenes Cluster. Schließlich zeigt Cluster X den Standort *ICRISAT*-1994, das Sammeljahr 1996 hingegen wird mit *H10*-1996 zu einem gemeinsamen Cluster zusammengefaßt. Die restlichen 118 Individuen werden nicht gemäß ihren Standorten in separate Cluster gruppiert, sondern befinden sich verstreut im Dendrogramm. Zu diesen Standorten zählen *H1*, *H2*, *H4*, *H13* und *H5*-1995, *H10*-1994, *Maradi*-1996, ein Probe (B360) aus *Maradi-Zinder* 1996 und eine aus *Takieta*-1996 (B377).

Es wurden für die 14 Standorte von *B. xantholeuca* die mittleren Dice-Ähnlichkeitsindices berechnet und miteinander verglichen. Tab. 11 zeigt, daß die Abweichungen vom Gesamtmittelwert (0.980) aller 188 Individuen nur gering sind. Für *H13* konnte keine genetische Variabilität festgestellt werden, d.h., es gab keine polymorphen Marker und somit war der Dice-Index gleich 1.0. Die niedrigsten Indices wurden in den Standorten *Maradi* (0.954) und *Sevarè* (0.940), die höchsten in *H13* (1.0), *H1* (0.996) und *H2* (0.995) berechnet.

Die drei Standorte *H1*, *H2*, *H4* (insgesamt 63 Individuen) sowie *H10*, *H11*, *H13* (insgesamt 31 Individuen) sind im Unterschied zu den restlichen Standorten weniger als 50 km voneinander entfernt. Deshalb wurden sie jeweils zu einer Gruppe zusammengefaßt und ein gemeinsamer Dice-Index berechnet (Tab. 11). Da die Stichprobenzahl in den jeweiligen drei Standorten

sehr unterschiedlich ist, sind Vergleiche des berechneten Dice-Index mit dem Gesamtindex nur eingeschränkt möglich. In Kap. 4.3.1.8 wurde deshalb für beide Gruppen eine Diskriminanzanalyse durchgeführt.

**Tab. 10:** Ergebnisse der Clusteranalyse bei *B. xantholeuca*.

Oberer Teil: 70 der 188 Proben wurden in 10 Cluster eingeordnet, die Einzelstandorte beschreiben. Für *Maradi* wurden zwei der drei Sammeljahre ausgewertet (Cluster III und IV), bei *H5* sind die beiden Sammeljahre in ein Cluster zusammengefaßt (Cluster IX). In den beiden Clustern IV und VII fehlen jeweils eine Probe (B377 und B360). Der Code bezieht sich auf die Beschreibung der einzelnen Standorte in Tab. 2. Unterer Teil: *H1*, *H2*, *H4*, *H13*, *H5*-1995 und *H10*-1994 wurden nicht in separaten Clustern aufgetrennt.

Cluster	Proben-Nr.	Anzahl	Standort	Code	Jahr
I	B83- B92	10	<i>Ouahigouya</i>	[34]	1995
II	B273- B277	5	<i>Sevarè</i>	[33]	1995
III	B61, B62	2	<i>Maradi</i>	[17]	1994
IV	B181, B183- B190	9	<i>Maradi</i>	[17]	1995
V	B409, B410, B414- B417	6	<i>Diffa-II</i>	[27]	1996
VI	B368, B369, B371- B376	8	<i>Takieta</i>	[22]	1996
VII	B358, B359, B361- B367	9	<i>Maradi- Zinder</i>	[18]	1996
VIII	B50- B52	3	<i>H11</i>	[13]	1994
IX	B42- B44, B289- B297	3/10	<i>H5</i>	[9]	1994/96
X	B56- B60	5	<i>ICRISAT</i>	[11]	1994
		<b>70</b>			
Cluster	Proben-Nr.	Anzahl	Standort	Code	Jahr
	B09- B13	5	<i>H1</i>	[1]	1994
	B14- B21	8	<i>H2</i>	[6]	1994
	B22- B41, B121- B130, B298- B327	50	<i>H4</i>	[8]	1994-96
	B210- B219	10	<i>H5</i>	[9]	1995
	B45- B49	5	<i>H10</i>	[12]	1994
	B233- B242	10	<i>H10</i>	[12]	1995
	B520- B529	10	<i>H10</i>	[12]	1996
	B53- B55	3	<i>H13</i>	[14]	1994
	B510- B519	10	<i>ICRISAT</i>	[11]	1996
	B353- B357	5	<i>Maradi</i>	[17]	1996
	B360	1	<i>Maradi- Zinder</i>	[18]	1996
	B377	1	<i>Takieta</i>	[22]	1996
		<b>118</b>			

**Tab. 11:** Mittlere Dice-Indices für 14 Standorte bei *Brachiaria xantholeuca*. *H13* zeigte keine genetische Variabilität, die RAPD-Bandenmuster der drei Proben waren mit allen 10 getesteten Primern identisch. Für *H1*, *H2* und *H4* sowie *H10*, *H11* und *H13* wurde jeweils ein gemeinsamer Dice-Index berechnet. Der Code bezieht sich auf die Standortbeschreibungen in Tab. 2.

Standort	Code	Individuen	Sammeljahr	Dice-Index
<i>H1</i>	[5]	5	1994	0.996
<i>H2</i>	[6]	8	1994	0.995
<i>H4</i>	[8]	50	1994, 1995, 1996	0.985
<i>H1, H2, H4</i>	[5,6,8]	63	1994, 1995, 1996	0.986
<i>H5</i>	[9]	23	1994, 1995, 1996	0.979
<i>H10</i>	[12]	25	1994, 1995, 1996	0.979
<i>H11</i>	[13]	3	1994	0.990
<i>H13</i>	[14]	3	1994	1.000
<i>H10, H11, H13</i>	[12,13,14]	31	1994, 1995, 1996	0.977
<i>Ouahigouya</i>	[34]	10	1995	0.975
<i>Maradi</i>	[17]	16	1994,1995, 1996	0.954
<i>Maradi-Zinder</i>	[18]	10	1996	0.985
<i>Diffa-II</i>	[27]	6	1996	0.989
<i>Takieta</i>	[22]	8	1996	0.987
<i>Sevarè</i>	[33]	5	1995	0.940
<i>ICRISAT</i>	[11]	15	1994, 1996	0.978
Mittelwert aller Dice-Indices				<b>0.980</b>

#### 4.3.1.2 Diskriminanzanalyse bei *B. xantholeuca*

Nachdem die Clusteranalyse klare Hinweise auf eine geographische Substrukturierung der *B. xantholeuca* Stichproben zeigte, wurden die verschiedenen Gruppierungen in einer Diskriminanzanalyse überprüft. Dazu wurden in den entsprechenden Standorten die Sammeljahre zusammengefaßt und insgesamt 14 Gruppen definiert. In Abb. 31 wurden die beiden ersten Diskriminanzfunktionen in einem Koordinatensystem abgetragen. Danach konnten die *H*-Standorte (*H1*, *H2*, *H4*, *H5*, *H10*, *H11*, *H13*) sowie *ICRISAT* nicht voneinander abgetrennt werden, sondern bildeten eine dicht zusammengelagerte Wolke („*H*-Cluster“). Eine Diskriminierung einzelner Standorte war somit nicht möglich. Anders hingegen verhielten sich die Standorte, die westlich von Niamey (*Sevarè* und *Ouahigouya*) und östlich von Tahoua (*Maradi*, *Maradi-Zinder*, *Takieta* und *Diffa-II*) gelegen sind. *Maradi* und *Maradi-Zinder* werden sichtbar vom „*H*-Cluster“ abgetrennt und befinden sich an dessen oberem und unterem Ende. Der 50 km weiter östlich gelegene Standort *Takieta* (von *Maradi-Zinder* aus gesehen) wird wesentlich deutlicher vom "*H*-Cluster" abgetrennt. Letzteres gilt auch für *Diffa-II*, der ca. 500 km von *Maradi* entfernt ist. Die beiden Standorte *Sevarè* in Mali und

*Ouahigouya* in Burkina Faso konnten ebenfalls sehr gut diskriminiert werden. *Ouahigouya* liegt etwa 500 km, *Sevarè* etwa 700 km (Luftlinie) von Niamey entfernt (vgl. dazu Abb. 10). Damit konnten 6 der 14 Standorte genetisch charakterisiert und differenziert werden. Die Standorte innerhalb des "H-Clusters" (zwei Gruppen *H1*, *H2*, *H4*, *H5*, *ICRISAT* und *H10*, *H11*, *H13*) konnten mit Hilfe der Diskriminanzanalyse nicht differenziert werden.

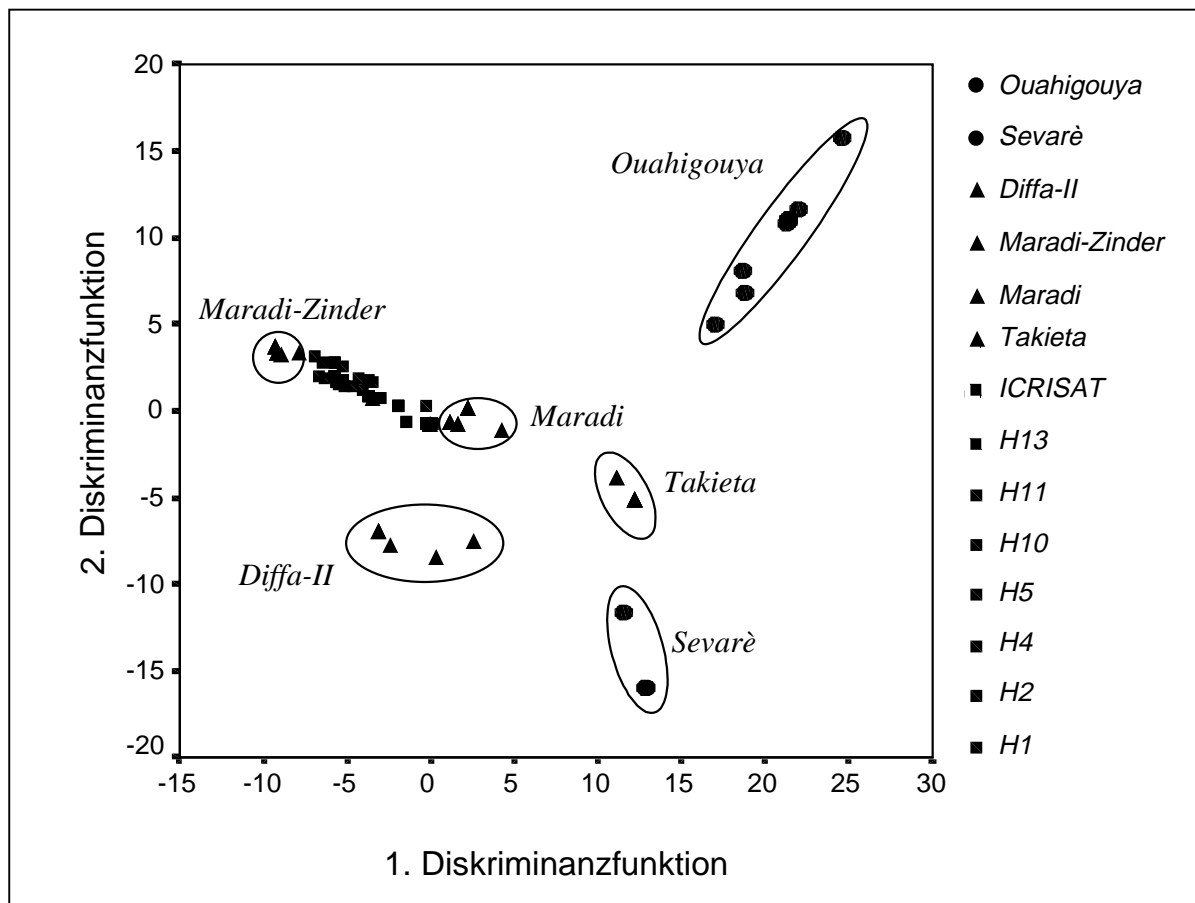


Abb. 31: Ergebnis einer Diskriminanzanalyse der 14 Standorte aus *B. xantholeuca*. *H*-Standorte sowie *ICRISAT* wurden mit Quadraten, Standorte im westlichen Teil (*Ouahigouya* und *Sevarè*) mit Punkten und Standorte im östlichen Teil (*Maradi*, *Maradi-Zinder*, *Takieta* und *Diffa-II*) des Untersuchungsgebietes mit Dreiecken markiert; siehe dazu Abb. 10; In der Grafik werden mehrere Proben übereinander geblottet)

#### 4.3.1.3 Varianzanalyse bei *B. xantholeuca*

Nähere Informationen über den Grad der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen einzelnen Standortstichproben konnten über eine Varianzanalyse ermittelt werden. Dazu wurde das Softwareprogramm WINAMOVA (EXCOFFIER, 1992) verwendet und auf der Basis der quadrierten euklidischen Distanzen für jeden der 14 Standorte (Gruppen) die Varianzkomponenten berechnet. Tab. 12 faßt die Ergebnisse dieser Varianzanalyse

zusammen. Danach wurden innerhalb der einzelnen Gruppen Varianzen zwischen 0.0 % (*H13*) und 18.8 % (*Maradi*) berechnet, der Mittelwert lag bei 37.54 %. Dies bedeutet, daß 37.54 % der Gesamtvarianz auf genetische Unterschiede auf Individuenlevel und 62.46 % auf dem Standort- oder Populationslevel erklärt werden konnten. *H13* zeigte keine Varianz, da sämtliche RAPD-Marker monomorph waren. Die höchsten Varianzen wurden bei Standorten berechnet, in denen mehrere Sammeljahre zur Auswertung vorlagen. Diese sind die Standorte *H4*, *H5*, *H10* und *Maradi* mit jeweils drei Sammeljahren 1994-1996. Die Varianzwerte schwankten hier zwischen 11.65 % (*H5*) und 18.80 % (*Maradi*). *H4* stellte mit insgesamt 50 Individuen die größte Standortstichprobe dar und zeigte mit 18.63 % nach *Maradi* (16 Individuen) den zweithöchsten Varianzwert. Standorte mit nur einem oder zwei Sammeljahren zeigten deutlich niedrigere Varianzen zwischen 0.43 % und 8.18 % schwanken.

**Tab. 12:** Ergebnisse der Varianzanalyse bei *B. xantholeuca*. Es wurden insgesamt 14 Gruppen (= Standorte) mit 188 Individuen untersucht. Mehrere Sammeljahre eines Standortes wurden zusammengefaßt.

n-1	= Freiheitsgrad (Individuenanzahl – 1)
Sum of Squares (SQ)	= Summe der Abweichungsquadrate vom Mittelwert
Varianz (SQ/ n-1)	= Varianzkomponente aus Sum of Squares / Freiheitsgrad
Varianz (%)	= Anteil in % an der Gesamtvarianz innerhalb von Populationen

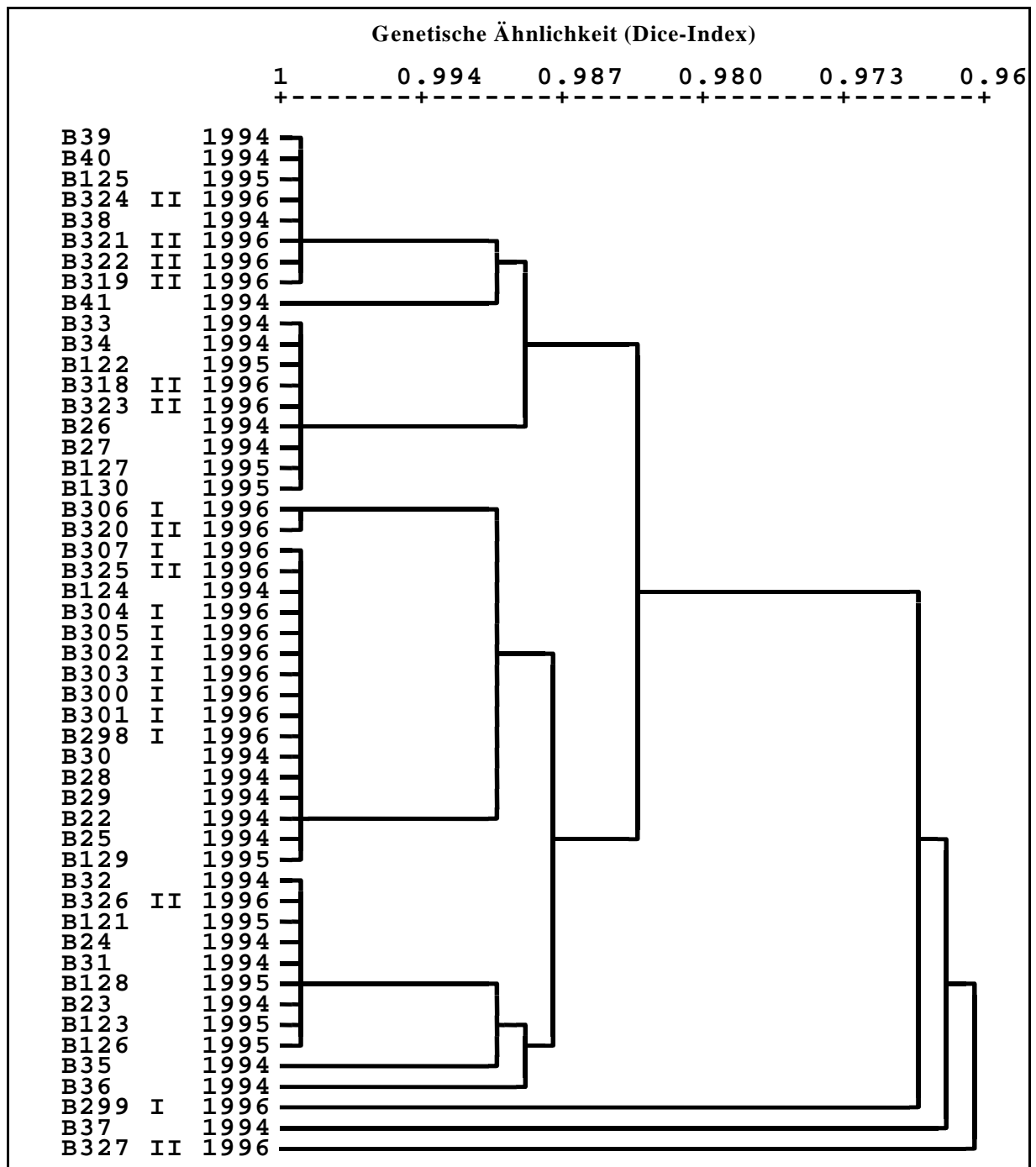
Gruppe (Standort)	n-1	Sum of Squares	Varianz (SQ/n-1)	Varianz (%)
<i>H1</i> 1994	4	0.80	0.200	0.43
<i>H2</i> 1994	7	1.75	0.250	0.94
<i>H4</i> 1994-1996	49	34.62	0.706	18.63
<i>H5</i> 1994-1996	22	21.65	0.984	11.65
<i>H10</i> 1994-1996	24	23.68	0.986	12.74
<i>H11</i> 1994	2	3.33	1.665	1.79
<i>H13</i> 1994	2	0.00	0.000	0.00
<i>Maradi</i> 1994-1996	15	34.93	2.328	18.80
<i>Maradi-Zinder</i> 1996	9	6.80	0.755	3.66
<i>ICRISAT</i> 1994/1996	14	15.20	1.085	8.18
<i>Takieta</i> 1996	8	11.33	1.416	6.09
<i>Diffa-II</i> 1994/1996	5	3.00	0.600	1.61
<i>Ouahigouya</i> 1995	9	12.30	1.366	6.62
<i>Sevarè</i> 1995	4	16.40	4.100	8.82
Zwischen Gruppen	13	304.52	23.425	62.46
Innerhalb Gruppen	174	185.80	1.068	37.54

Da die Standorte *H4*, *H5*, *H10* und *Maradi* jeweils mit drei Sammeljahren analysiert wurden und im Unterschied zu den restlichen Standorten hohe Varianzen aufzeigten, wurde im folgenden eine mögliche Substrukturierung dieser Standorte untersucht.



#### 4.3.1.4 RAPD-Untersuchungen am Standort *H4*

*H4* befindet sich 1.5 km östlich von Kobadi, etwa 44 km von Niamey entfernt (Abb. 10). Der Standort liegt am Straßenrand, in der Nähe befindet sich ein zeitlich wassergefüllter Marigot, umgeben von Hirsefeldern. Die nächste Meßstation liegt in Torodi (13 km südlich) und weist einem mittleren jährlichen Niederschlag von 584.6 mm auf. Es wurden 50 Individuen aus drei Sammeljahren 1994-1996 untersucht. Die Sammlung 1996 wurde zweimal, im Abstand von vier Wochen (I = 4.09.96 und II = 5.10.96), durchgeführt. Der mittlere Dice-Ähnlichkeitsindex betrug für die Gesamtstichprobe 0.985. Insgesamt wurden hierbei 54 RAPD-Marker ausgewertet, wovon 11 (20.3 %) polymorph waren. Es wurde auf der Basis der Dice-Indices eine Clusteranalyse durchgeführt. Abb. 32 zeigt ein Dendrogramm des Standortes *H4*, wobei keine Auftrennung nach Sammeljahren stattfindet. Die beiden Sammlungen 1996 werden nicht voneinander getrennt. Eine Varianzanalyse bestätigt das Ergebnis der Clusteranalyse. 86.67 % der Varianz erklärten sich aus der genetischen Variabilität innerhalb und 13.33 % zwischen den vier Stichproben (1994, 1995, 2 x 1996). Eine Differenzierung unterschiedlicher Sammeljahre anhand von RAPD-Markern konnte am Standort *H4* somit nicht festgestellt werden.



**Abb. 32:** UPGMA-Dendrogramm von Standort *H4*. Es wurden 50 Individuen aus drei Sammeljahren 1994-1996 untersucht. 1996 wurden im Abstand von 4 Wochen zweimal Proben gesammelt (I = B298-B307, 4.09.96; II = B318-B327, 5.10.96).

### 4.3.1.5 RAPD-Untersuchungen am Standort *H5*

*H5* befindet sich 5.5 km westlich von Say, etwa 60 km südlich von Niamey. Der Standort liegt am Straßenrand und ist umgeben von Hirsefeldern. Die nächste Meßstation befindet sich in Say (8 km östlich) und weist einen mittleren jährlichen Niederschlag von 545.6 mm auf. 23 Individuen aus drei Sammeljahren 1994-1996 wurden mit 52 RAPD-Markern untersucht, davon waren 8 (15.3 %) polymorph. Der mittlere Dice-Ähnlichkeitsindex betrug 0,979.

Abb. 33 zeigt ein UPGMA-Dendrogramm aus der Clusteranalyse. Die Sammeljahre 1995 und 1996 werden mit einer Ausnahme (B211) in zwei getrennten Clustern eingeordnet, die Individuen aus 1994 hingegen auf diese beiden Cluster verteilt. Eine Varianzanalyse des Standortes *H5* zeigte, daß 65 % der Gesamtvarianz durch die genetische Variabilität zwischen den drei Sammeljahren erklärt wird, 35 % werden auf genetische Unterschiede auf dem Individuen-level zurückgeführt. Damit ist am Standort *H5* im Unterschied zu *H4* eine Differenzierung verschiedener Sammeljahre zu beobachten.

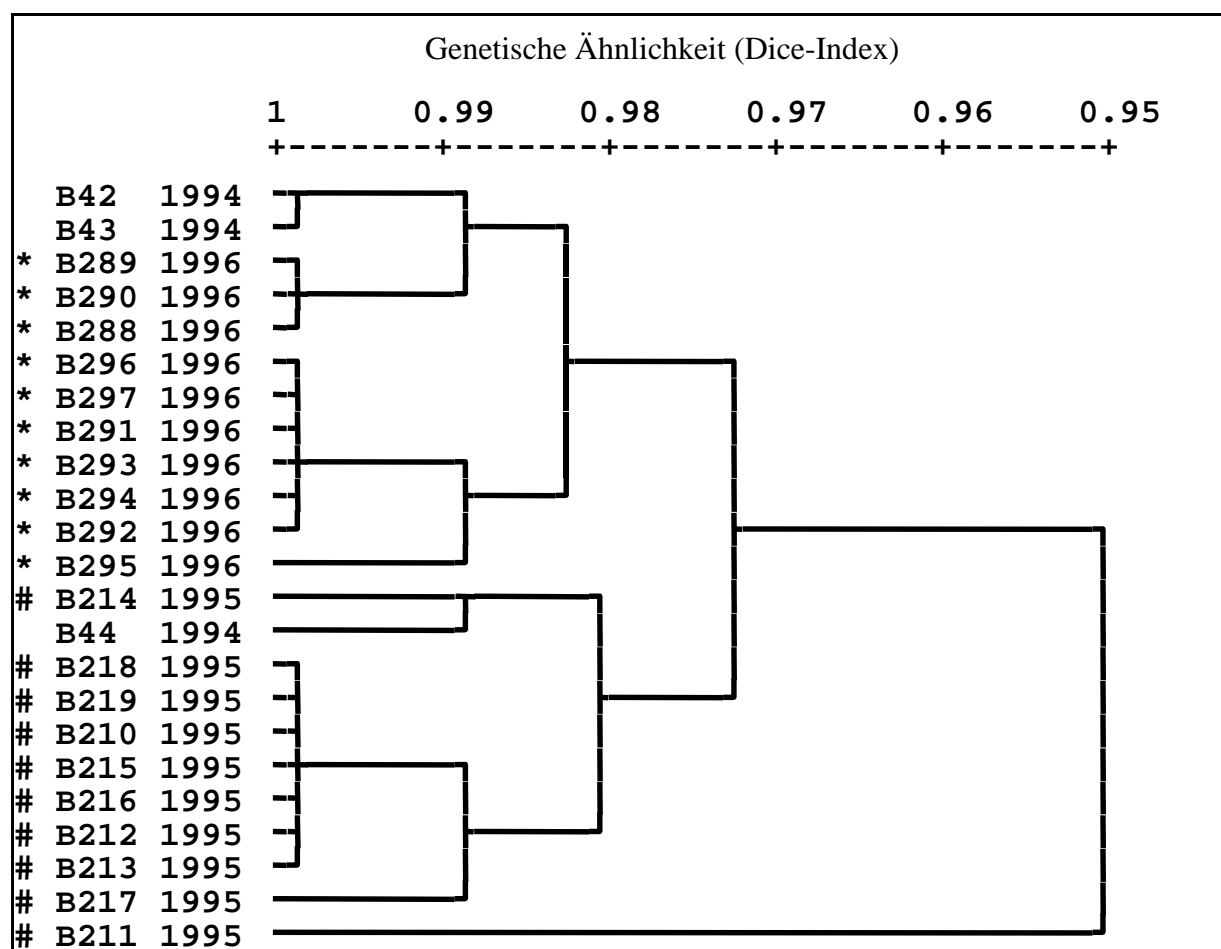


Abb. 33: UPGMA-Dendrogramm von Standort *H5*. Es wurden 23 Individuen aus drei Sammeljahren 1994-1996 untersucht. # = Sammeljahr 1995, \* = Sammeljahr 1996.

#### 4.3.1.6 RAPD-Untersuchungen am Standort *H10*

*H10* befindet sich auf einem lateritischen Plateau, etwa 25 km nordöstlich von Tahoua, 545 km (Luftlinie) von Niamey entfernt. Die nächste Meßstation liegt in Tahoua und weist einen mittleren jährlichen Niederschlag von 332.5 mm auf. 25 Individuen aus drei Sammeljahren 1994-1996 wurden mit 51 RAPD-Marker ausgewertet, wovon 7 (13.7 %) polymorph waren. Der mittlere Dice-Ähnlichkeitsindex lag mit 0,829 vergleichsweise niedrig ( $H4 = 0.985$ ;  $H5 = 0.979$ ). Abb. 34 zeigt ein Dendrogramm aus der Clusteranalyse. Es werden drei Cluster gebildet. Die beiden Sammeljahre 1995 und 1996 werden in getrennte Cluster eingeordnet, fünf Individuen aus 1994 bilden kein eigenes Cluster, ähnlich wie bei Standort *H5*. Die Varianzanalyse unterstützt das Ergebnis der Clusteranalyse, denn 73 % der Gesamtvarianz werden durch genetische Unterschiede zwischen den Sammeljahren und 27 % durch die genetische Variabilität auf Individuenlevel erklärt. Damit kann, wie schon bei *H5* auch für den Standort *H10* eine Differenzierung verschiedener Sammeljahre beobachtet werden.

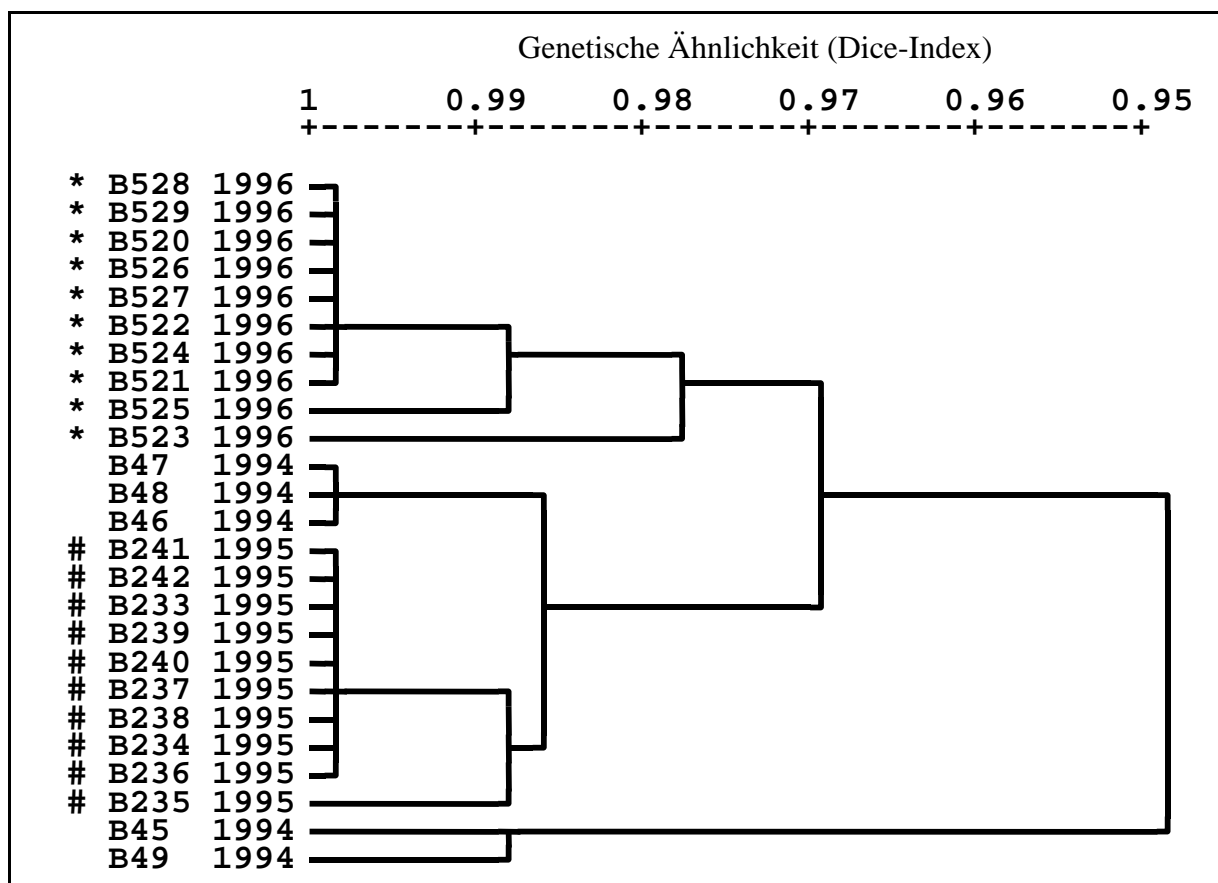


Abb. 34: UPGMA-Dendrogramm von Standort *H10*. Es wurden 25 Individuen aus den Sammeljahren 1994-1996 untersucht. # = Sammeljahr 1995; \* = Sammeljahr 1996

#### 4.3.1.7 RAPD-Untersuchungen am Standort *Maradi*

Der Standort *Maradi* befindet sich 55.6 km östlich von Maradi am Straßenrand auf Lateritboden. Die Testfläche ist von Hirsefeldern umgeben. Die nächste Meßstation liegt in *Maradi* und weist einen mittleren jährlichen Niederschlag von 434.5 mm auf. Es wurden 16 Individuen aus drei Sammeljahren untersucht und 54 RAPD-Marker ausgewertet. Davon waren 13 (24 %) Marker polymorph. Der mittlere Dice-Ähnlichkeitsindex lag bei 0.954 und damit innerhalb der 14 Standorte von *B. xantholeuca* am niedrigsten. Abb. 35 zeigt die Ergebnisse einer Clusteranalyse, die auf der Basis der Dice-Indices durchgeführt wurde. Danach werden drei Cluster gebildet und somit drei Sammeljahre voneinander getrennt. *Maradi* zeigt im Vergleich zu den drei *H*-Standorten *H4*, *H5* und *H10* die höchste Anzahl polymorpher Marker. Die deutliche Auftrennung im Dendrogramm kommt durch RAPD-Marker zustande, die für die einzelnen Sammeljahre spezifisch sind. Für die beiden Proben B61 und B62 aus 1994 konnten zwei spezifische RAPD-Marker identifiziert werden (Abb. 29).

Eine Varianzanalyse unterstützt die Ergebnisse der Clusteranalyse. 90 % der Gesamtvarianz geht auf genetische Unterschiede zwischen den drei Sammeljahren zurück, nur 10 % beschreiben die genetische Variabilität innerhalb der Sammeljahre. Damit zeigt der Standort *Maradi*, wie schon *H5* und *H10*, eine deutliche Differenzierung der Sammeljahre.

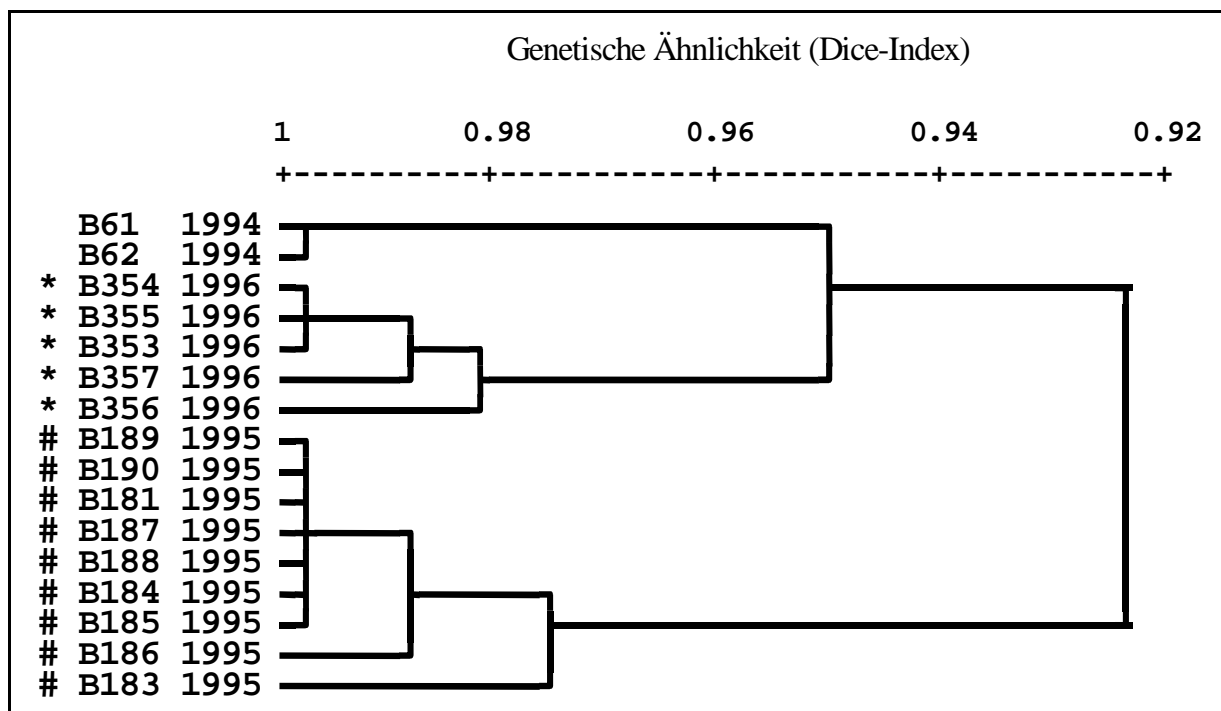


Abb. 35: UPGMA-Dendrogramm von Standort *Maradi*. Es wurden 16 Individuen aus drei Sammeljahren untersucht. # = Sammeljahr 1995; \* = Sammeljahr 1996

Tab. 13 faßt die Ergebnisse der Varianzanalysen der vier Standorte *H4*, *H5*, *H10* und *Maradi* zusammen. Trotz der vergleichsweise hohen Individuenzahl konnte für *H4* keine Differenzierung der drei Sammeljahre festgestellt werden. Mit 11 polymorphen RAPD-Marker wird zwar der zweithöchste Wert erreicht (höchster Wert: *Maradi* mit 13 Marker), doch 86 % der genetische Variabilität konnten auf individuelle Unterschiede im Bandenmuster zurückgeführt werden. Der Dice-Ähnlichkeitsindex liegt für *H4* mit 0.985 innerhalb der vier untersuchten Standorte am höchsten. Die Anzahl untersuchter Individuen bei *H5*, *H10* und *Maradi* ist deutlich niedriger als bei *H4*, es findet aber eine Differenzierung einzelner Sammeljahre statt. 1995 und 1996 können anhand der RAPD-Marker bei *H5* und *H10* diskriminiert werden, für *Maradi* ist sogar eine Auftrennung dreier Sammeljahre möglich (Abb. 35). In Tab. 13 fällt auf, daß bei Standort *H4* der höchste Niederschlag mit dem höchsten Dice-Index korreliert ist und diese Werte über *H5* und *Maradi* bis zum Standort *H10* in gleicher Weise abnehmen. *H4* und *H5* sind etwa 50 km (Luftlinie) voneinander entfernt und werden in die Sudano-Sahelische Übergangszone eingeordnet. In der Nähe von *H4* befindet sich zusätzlich ein Marigot. Beide Standorte unterscheiden sich nur minimal im Dice-Index sowie um etwa 40 mm Jahresniederschlag, eine Differenzierung unterschiedlicher Sammeljahre findet aber nur bei *H5* statt. *H10* ist aufgrund eines Jahresniederschlags von 200-400 mm in dieser Untersuchung der einzige Standort in der Sahelzone und zeigt mit 0.829 den niedrigsten Dice-Index. Am deutlichsten ist die Auftrennung nach Sammeljahren am Standort *Maradi*, dazu werden auch 13 polymorphen Marker ausgewertet.

Tab. 13: Varianzanalyse der Standorte *H4*, *H5*, *H10* und *Maradi* für *B. xantholeuca*.

(\* Der mittlere jährliche Niederschlag wurde nicht am Standort sondern an der nächst gelegenen Meßstation gemessen (vergl. Tab. 2)

	<i>H4</i>	<i>H5</i>	<i>H10</i>	<i>Maradi</i>
Individuenanzahl (1994-1996)	50	23	25	16
Mittlerer jährlicher Niederschlag (mm)*	584.6	545.6	332.5	434.5
Mittlerer Dice-Index	0.985	0.979	0.829	0.954
RAPD-Marker	54	52	51	54
davon polymorph	11	8	7	13
davon monomorph	43	44	44	41
Varianz zwischen den Sammeljahren (%)	13.33	64.93	72.78	90.00
Varianz innerhalb der Sammeljahre (%)	86.67	35.07	27.22	10.00

### 4.3.1.8 Vergleich der Standorte *H1, H2, H4* und *H10, H11, H13*

Da die Standorte *H1, H2, H4* bzw. *H10, H11, H13* jeweils nur max. 50 km voneinander entfernt sind, wurde geprüft, ob ein jeweils gemeinsamer Ökotyp beschrieben werden konnte. Es wurde für beide Gruppen der mittlere Dice-Ähnlichkeitsindex berechnet, der mit 0.986 für die Gruppe *H1-H4* und 0.979 für die Gruppe *H10-H13* nur gering vom Gesamtindex aller 14 Standorte (0.980) abweicht. Dies verdeutlicht, daß die genetischen Unterschiede innerhalb dieser Gruppen gering sind. Es wurde deshalb eine Diskriminanzanalyse durchgeführt und zusätzlich der Standort *H5* als dritte Gruppe definiert, so daß insgesamt 117 Individuen untersucht wurden. Tab. 14 zeigt die Ergebnisse dieser Analyse. Danach werden die Individuen in der Gruppe 1 zu 100 %, in Gruppe 2 zu 77.4 % und in Gruppe 3 zu 95.7 % diskriminiert. In Abb. 36 wurden die beiden Diskriminanzfunktionen in einen 2D-Blot abgetragen, wonach eine deutliche Trennung der drei Gruppen sichtbar wird. Gruppe 2 zeigt die größte Streuung und weicht mit 7 von 31 Individuen von der vorhergesagten Gruppeneinteilung ab.

Die Standorte *H1-H4* und *H5* werden nach LE HOUËROU (1989) der Sudano-Sahelischen Übergangszone (400-600 mm Jahresniederschlag) zugeordnet und sind etwa 50 km (Luftlinie) voneinander entfernt. Nach Tab. 14 weichen die Niederschläge nur um 40 mm voneinander ab. *H10, H11 und H13* hingegen werden der Sahelzone „sensu stricto“ (200-400 mm mittlerer Jahresniederschlag) zugeordnet. Anhand der genetischen Daten können hier zwei Ökotypen beschrieben werden, die sich in zwei unterschiedlichen ökoklimatischen Zonen befinden.

**Tab. 14:** Ergebnisse der Diskriminanzanalyse der Standorte *H1-H4, H5* und *H10-H13*. Es wurden 117 Individuen aus insgesamt sieben Standorten zu drei Gruppen zusammengefaßt. Angegeben sind die vorhergesagten Gruppenzugehörigkeiten durch die Anzahl und den Prozentsatz von Individuen je Gruppe.

<b>Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit Individuen / Prozent</b>				
<b>Gruppe</b>	<b>① <i>H1, H2, H4</i></b>	<b>② <i>H10, H11, H13</i></b>	<b>③ <i>H5</i></b>	<b>Gesamt</b>
<b>① <i>H1, H2, H4</i></b>	<b>63 / 100 %</b>	<b>0 / 0 %</b>	<b>0 / 0 %</b>	<b>63 Individuen</b>
<b>② <i>H10, H11, H13</i></b>	<b>3 / 9.7 %</b>	<b>24 / 77.4 %</b>	<b>4 / 12.9 %</b>	<b>31 Individuen</b>
<b>③ <i>H5</i></b>	<b>1 / 4.3 %</b>	<b>0 / 0 %</b>	<b>22 / 95.7 %</b>	<b>23 Individuen</b>

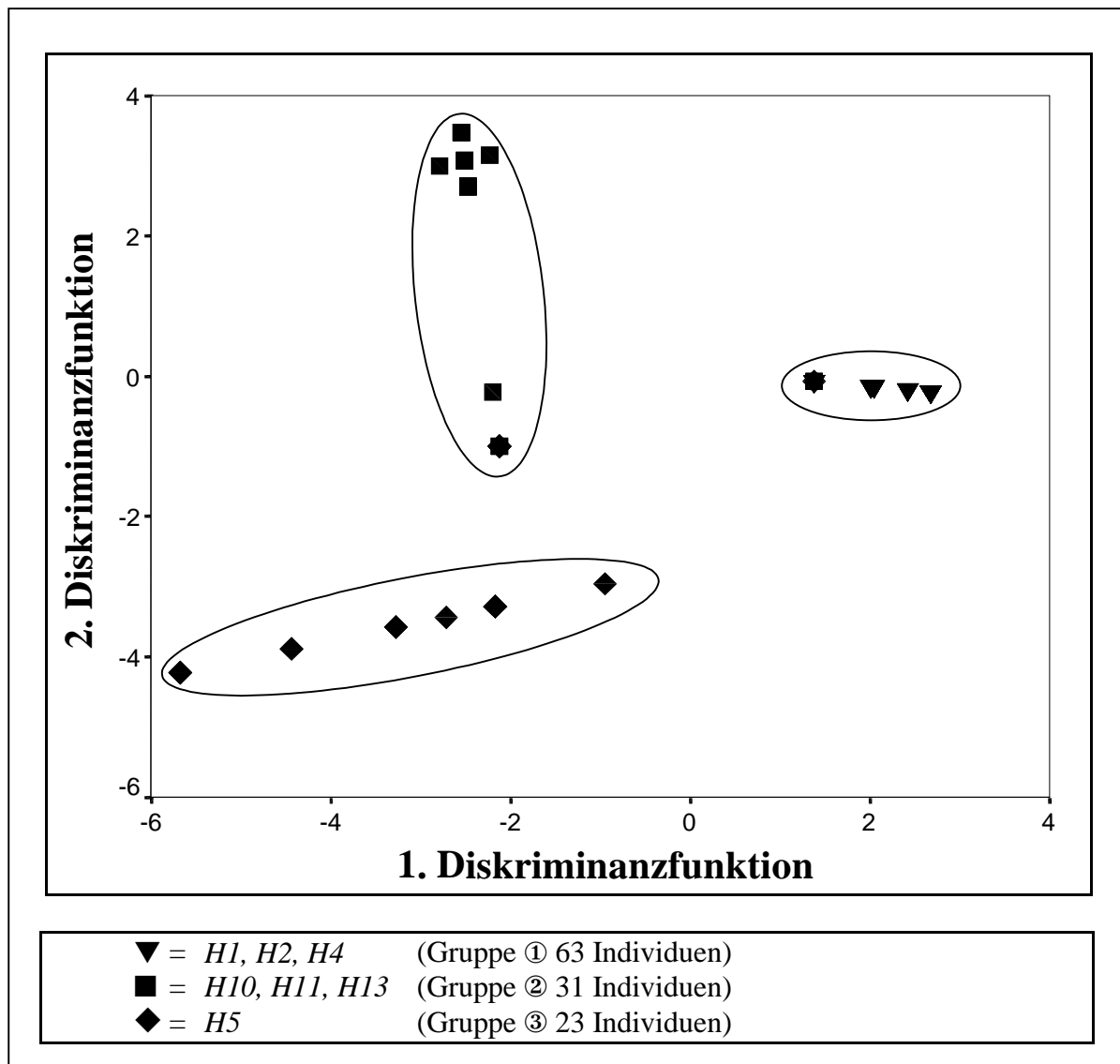


Abb. 36: Ergebnisse der Diskriminanzanalyse der Standorte  $H1, H2, H4, H5$  und  $H10-H13$ . Abgetragen sind die beiden Diskriminanzfunktionen, die 63,6 % und 36,4 % der Gesamtvarianz erklären (siehe Tab. 14). Einige Koordinatenpunkte werden übereinander projiziert.