



Abb. 44: *Zornia glochidiata* (Habitus) Diese Pflanze wurde auf dem eingezäunten ICRISAT-Versuchs-Gelände (kontrollierte Beweidung, Sandboden) gesammelt und hat eine Wuchshöhe von ca. 40 cm.

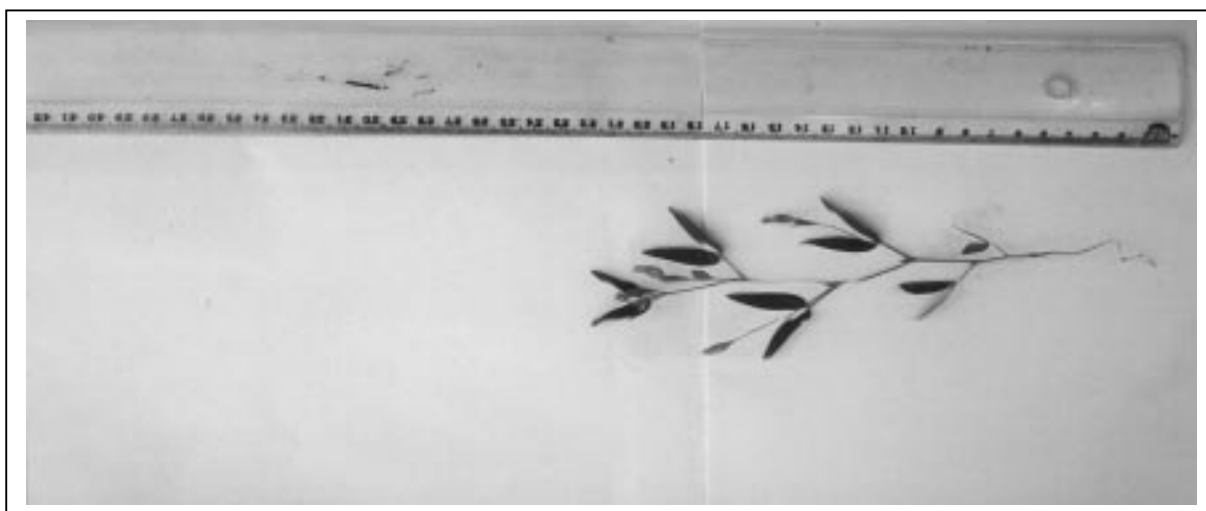


Abb. 45: *Zornia glochidiata* (Habitus) Diese Pflanze wurde am Standort T4 (hoher Beweidungsdruck, Lateritboden) entnommen und hat eine Wuchshöhe von etwa 20 cm.

Tab. 30: Auswahl von sechs polymorphen Primern für die RAPD-Analyse bei *Z. glochidiata*

	Primer	Basensequenz	RAPD-Marker	monomorph	polymorph
1	A-10	5`-GTGATCGCAG-3`	7	2	5
2	B-07	5`-GGTGACGCAG-3`	14	6	8
3	B-17	5`-AGGGAACGAG-3`	10	8	2
4	T-12	5`-GGGTGTGTAG-3`	6	1	5
5	T-13	5`-AGGACTGCCA-3`	9	6	3
6	Z-10	5`-CCGACAAACC-3`	10	7	3
gesamt			56	30	26

Tab. 31: Spezifische RAPD-Marker bei *Zornia glochidiata*

Für *Burkina* und *Tahoua* wurden je ein standortspezifischer Marker, für *T4* ein spezifischer Marker für die beiden Sammeljahre 1994 und 1995 identifiziert. (1) bedeutet, der Marker ist vorhanden; (0) der Marker fehlt, ist aber in allen anderen Standorten vorhanden. Angegeben sind der Name des Primers (z.B. Y-16) und die Molekulargewichtsgröße des Markers (in bp).

Standort	RAPD-Marker	vorhanden (1)	nicht vorhanden (0)
<i>T4</i> 1995	A-10-1410		0
<i>T4</i> 1994	B-07-577	1	
<i>Burkina</i>	B-07-1611	1	
<i>Tahoua</i>	Z-10-546	1	

4.4.1 Clusteranalyse bei *Zornia glochidiata*

Die Berechnung der genetischen Ähnlichkeit wurde mit dem Assoziationskoeffizient nach DICE (1945) durchgeführt. Dieser Dice-Index variierte von 0.871 bis 1.0 und betrug im Mittel 0.947.

Mittels einer Clusteranalyse wurden die Dice-Indices der 80 Individuen aus 10 Standorten nach der UPGMA-Methode statistisch ausgewertet und die Ergebnisse in einem Dendrogramm graphisch dargestellt. Abb. 46 verdeutlicht, daß die genetische Variabilität bei *Z. glochidiata* sehr groß ist und, im Unterschied zu *Brachiaria*, eine Auftrennung einzelner Standorte nicht oder nur unvollständig stattfindet. Obwohl für *T1* und *T3* jeweils drei Sammeljahre (15 Individuen pro Standort) ausgewertet wurden, können die Sammeljahre nicht diskriminiert werden. Gleiches gilt für *T2* und *Burkina*, hier wurden jeweils zwei Sammeljahre ausgewertet. Es werden hingegen mehrere kleine Cluster gebildet, von denen sich aber nur zwei deutlich abgrenzen und nur Individuen aus einem Standort zeigen. Diese sind *T3-1995* und *T4-1994*. Ein weiteres Cluster kann für den Standort *H3-1994* beobachtet werden, allerdings fehlt hier ein Individuum. Die restlichen Standorte und Sammeljahre werden nicht in separate Cluster aufgegliedert und sind im Dendrogramm verstreut angeordnet.

Da für *T1* und *T3* jeweils drei Sammeljahre 1993, 1994 und 1995 gesammelt wurden, werden diese Standorte im folgenden getrennt analysiert.

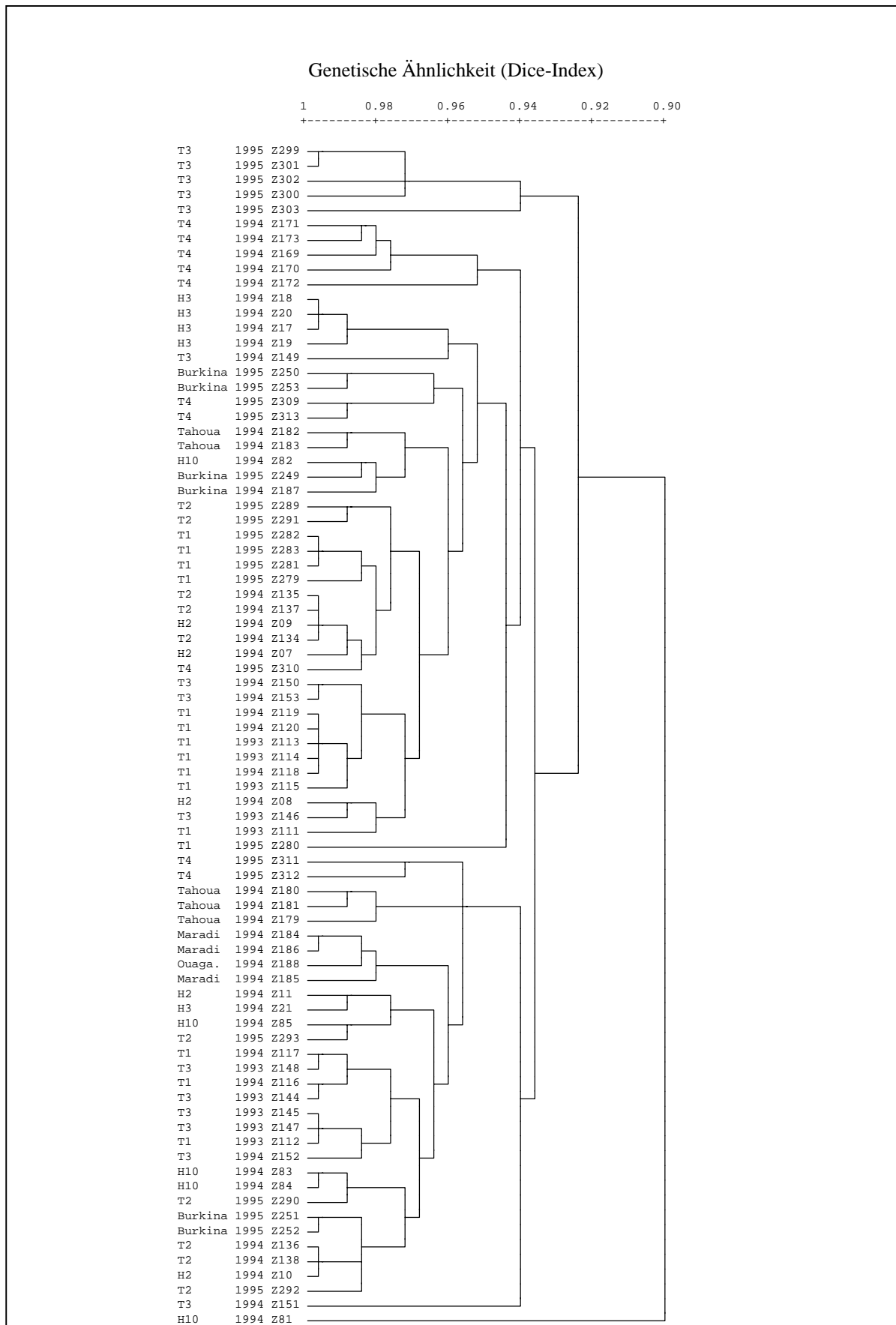


Abb. 46: UPGMA-Dendrogramm von *Zornia glochidiata*
Es wurden 80 Individuen aus 10 Standorten und drei Sammeljahren ausgewertet.

4.4.2 RAPD-Untersuchungen am Standort *T1*

T1 befindet sich auf einem lateritischen Plateau der Brousse tigrèè südwestlich von Niamey. Abb. 11 zeigt ein Bild des Standortes *T1*. Es wurden 15 Individuen aus den drei Sammeljahren 1993–1995 ausgewählt und eine Clusteranalyse durchgeführt. Abb. 47 zeigt ein Dendrogramm des Standortes *T1*. Trotz der hohen genetischen Variabilität innerhalb dieses Standortes, ist eine leichte Abtrennung des Sammeljahres 1995 sichtbar, die Individuen aus 1993 und 1994 werden hingegen nicht voneinander diskriminiert.

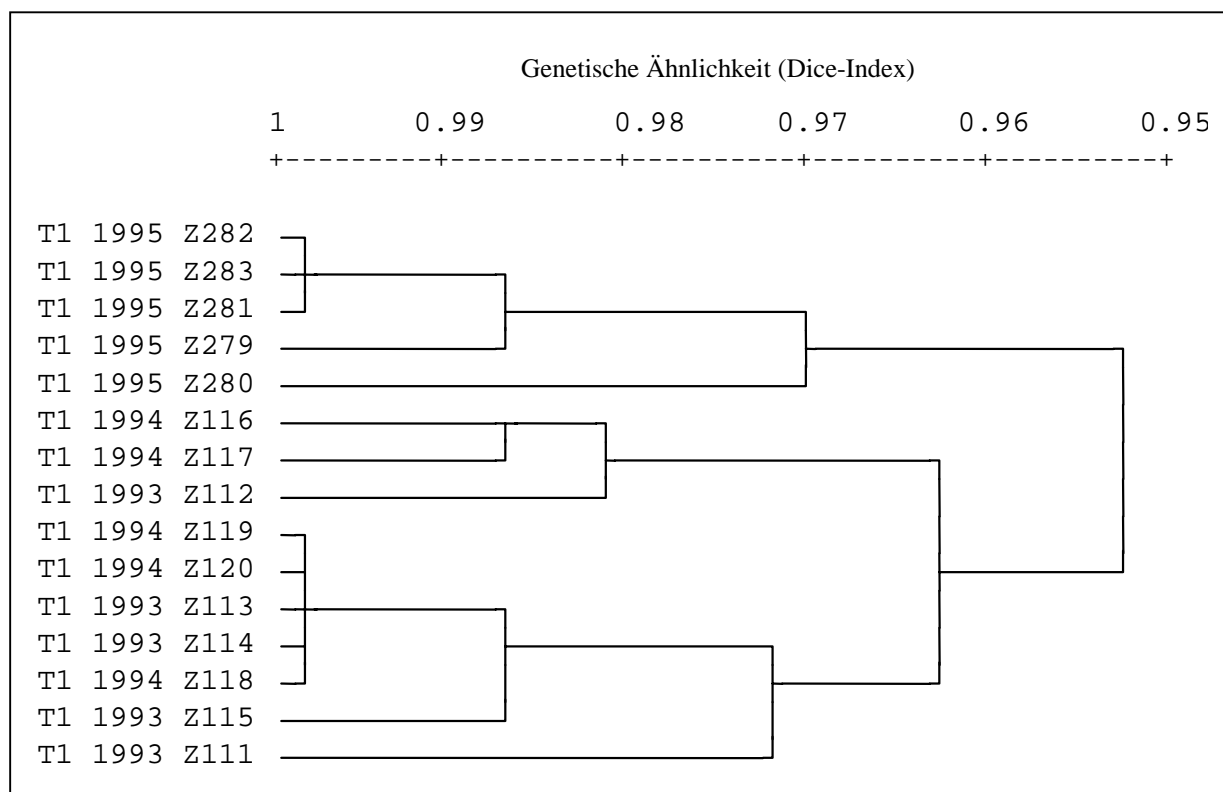


Abb. 47: UPGMA-Dendrogramm des Standortes *T1* bei *Z. glochidiata*
Es wurden jeweils 5 Proben der Sammeljahre 1993, 1994 und 1995 untersucht.

Nähere Informationen über den Grad der genetischen Variabilität innerhalb und zwischen den drei Stichproben wurden über eine Varianzanalyse (WINAMOVA) ermittelt. Dazu wurden für die Sammeljahre drei Gruppen definiert und die Varianzkomponenten innerhalb und zwischen diesen Gruppen berechnet. In Tab. 32 sind die Ergebnisse der Varianzanalyse zusammengefaßt. Danach lag der Anteil einzelner Sammeljahre an der Gesamtvarianz zwischen 24 % und 44 %. Dies bedeutet, daß alle drei Sammeljahre einen starken Einfluß auf die Variabilität der Stichprobe am Standort *T1* nehmen. Die Gesamtvarianz läßt sich zu 46.12 % auf genetische Unterschiede zwischen den einzelnen Sammeljahren und zu 53.88 % auf individuelle Unterschiede innerhalb der Sammeljahre zurückführen. Auf der Basis dieser

RAPD-Daten können am Standort *T1* keine Sammeljahre eindeutig diskriminiert werden. Zum einen ist die Anzahl der untersuchten Individuen sehr niedrig, zum anderen erklärt sich die Gesamtvarianz fast zu gleichen Teilen auf genetische Unterschiede zwischen als auch innerhalb der Sammeljahre. Weiterhin konnten keine spezifischen RAPD-Marker gefunden werden, die eine Charakterisierung einzelner Sammeljahre ermöglicht.

Tab. 32: Ergebnisse der Varianzanalyse des Standortes *T1* bei *Z. glochidiata*
Es wurden drei Sammeljahre 1993, 1994 und 1995 mit insgesamt 15 Individuen untersucht.

n-1	= Freiheitsgrad
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

Gruppen	n-1	Sum of Squares	Varianz (SQ/n-1)	Varianz (%)
<i>T1</i> 1993	4	4.40	1.10	44.00
<i>T1</i> 1994	4	3.20	0.80	32.00
<i>T1</i> 1995	4	2.40	0.60	24.00
zwischen Gruppen	2	8.80	4.40	46.12
innerhalb Gruppen	12	10.00	0.83	53.88

4.4.3 RAPD-Untersuchungen am Standort *T3*

Der Standort *T3* befindet sich wie auch *T1* auf einem lateritischen Plateau der Brousse tigrière südwestlich von Niamey. Es wurden 15 Proben aus den drei Sammeljahren 1993–1995 ausgewählt und eine Clusteranalyse durchgeführt. Abb. 48 zeigt ein Dendrogramm des Standortes *T1*. Es findet, ähnlich wie bei *T1*, eine Abtrennung des Sammeljahres 1995 statt, die beiden anderen Sammeljahre 1993 und 1994 werden nicht getrennt gruppiert.

Es wurde eine Varianzanalyse durchgeführt, dazu für die Sammeljahre drei Gruppen definiert und die Varianzkomponenten innerhalb und zwischen diesen Gruppen berechnet. In Tab. 33 sind die Ergebnisse dieser Varianzanalyse zusammengefaßt. Danach lag der Anteil einzelner Sammeljahre an der Gesamtvarianz zwischen 28.2 % und 35.9 %. Dies bedeutet, daß die drei Sammeljahre einen gleichgroßen Einfluß auf die Variabilität der Stichprobe am Standort *T3* haben. Die Gesamtvarianz läßt sich mit 50.76 % auf genetische Unterschiede zwischen den Sammeljahren und zu 49.24 % auf individuelle Unterschiede innerhalb der drei Sammeljahre zurückführen. Damit ist, ähnlich wie bei *T1*, anhand der RAPD-Daten keine Diskriminierung der drei Sammeljahre möglich.

Zusammenfassend kann für die Futterpflanze *Zornia glochidiata* festgestellt werden:

Die genetische Variabilität ist sehr groß. Obwohl von den insgesamt 56 identifizierten RAPD-Markern 26 (46 %) polymorph sind, können die Standorte nicht klar diskriminiert werden. Der Anteil standortspezifischer Marker ist gering (2 für *T4* und 2 für *Burkina* und *Tahoua*). Eine Auftrennung zweier bzw. dreier Sammeljahre ist nicht möglich. Dies unterscheidet *Z. glochidiata* deutlich von den *Brachiaria*-Arten. Allerdings wurden für *Zornia* nur 6 Primer und 56 RAPD-Marker, bei *Brachiaria* aber 10 Primer und 111 RAPD-Marker untersucht wurden.

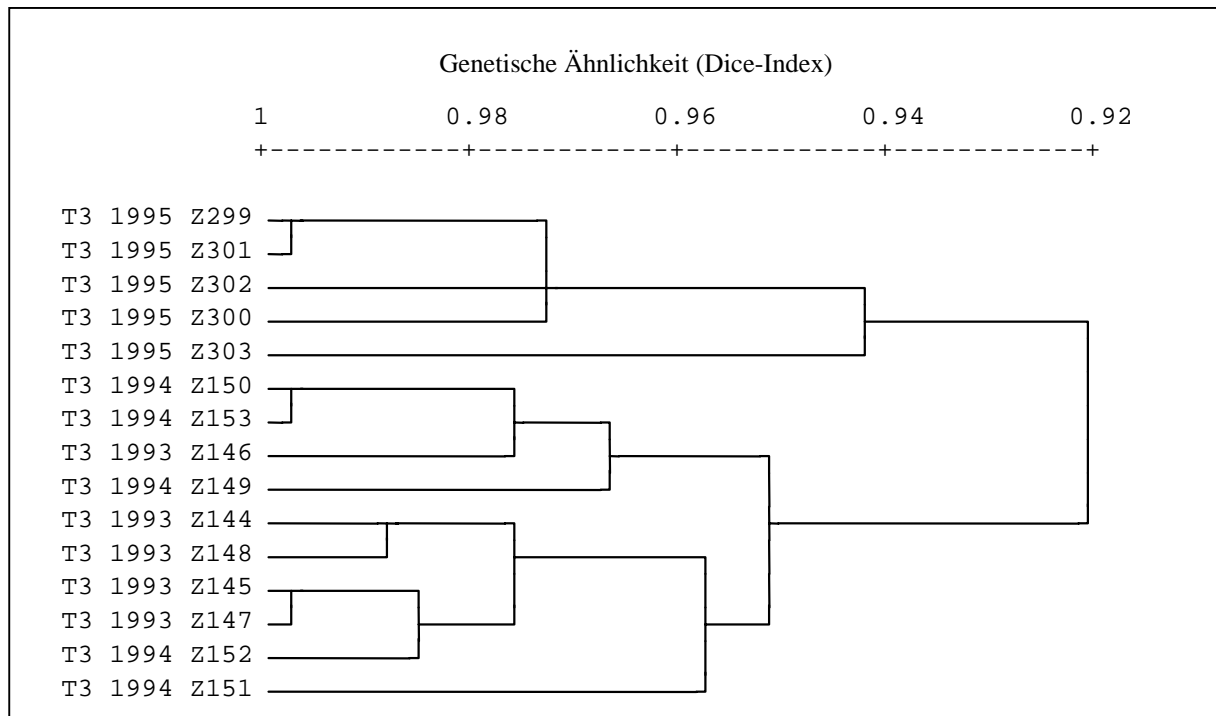


Abb. 48: UPGMA-Dendrogramm des Standortes *T3* bei *Z. glochidiata*
Es wurden jeweils 5 Proben der Sammeljahre 1993, 1994 und 1995 untersucht

Tab. 33: Ergebnisse der Varianzanalyse des Standortes *T3* bei *Z. glochidiata*
Es wurden drei Sammeljahre 1993, 1994 und 1995 mit insgesamt 15 Individuen untersucht.

n-1	= Freiheitsgrad
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

Gruppen	n-1	Sum of Suares	Varianz (SQ/n-1)	Varianz (%)
<i>T3</i> 1993	4	4.40	1.10	28.20
<i>T3</i> 1994	4	5.60	1.40	35.90
<i>T3</i> 1995	4	5.60	1.40	35.90
zwischen Gruppen	2	16.00	8.00	50.76
innerhalb Gruppen	12	15.60	1.30	49.24

5. Diskussion

Im Rahmen des Forschungsprojektes „*Patterns of genetic diversity in wild forage species and in situ conservation in the Sahel*“ wurden in der vorliegenden Arbeit folgende Untersuchungsschwerpunkte definiert:

- Die Etablierung von Versuchsprotokollen, die eine optimale Untersuchung der ausgewählten Zielarten mit der RAPD-Analyse ermöglichen. Darunter wird neben der Sammlung und Lagerung die Aufbereitung und Analyse von Blattproben verstanden.
- Die Auswertung der genetischen Daten mit Hilfe statistischer Methoden. Folgende Fragestellungen stehen dabei im Vordergrund: 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?

Zunächst wird die in den molekulargenetischen Untersuchungen eingesetzte RAPD-PCR diskutiert, wobei besonders auf die Probleme und Grenzen dieser empfindlichen Analysetechnik eingegangen wird (1). Im Anschluß werden Futterpflanzen in der Sahelzone im allgemeinen und die beiden Zielarten *Brachiaria* und *Zornia* im besonderen erörtert (2). Schließlich soll diskutiert werden, ob und inwieweit die hier beschriebenen Ergebnisse im Ressourcenschutz afrikanischer Futtergräser eingesetzt werden können (3).

(1) RAPD-Technik

Die RAPD-PCR-Technik wurde von WILLIAMS et al. (1990) und WELSH & McCLELLAND (1990) zeitgleich entwickelt und gehört heute zu den am häufigsten angewendeten molekulargenetischen Analysemethoden. Durch die einfache und schnelle Versuchsdurchführung kann die RAPD-PCR universell eingesetzt werden und erreicht somit die unterschiedlichsten Arbeitsbereiche der modernen Molekulargenetik (TINGEY et al. 1992; HADRYŚ et al. 1992).

Die hier untersuchten, wildwachsenden Futterpflanzen *Brachiaria* und *Zornia* wurden bisher nicht molekulargenetisch untersucht. Es gibt nur wenige Versuchsprotokolle zur DNA-

Extraktion von getrockneten Pflanzen. In den meisten bisher durchgeführten molekular-genetischen Untersuchungen konnte man auf frisches Pflanzenmaterial zurückgreifen, so daß ausreichende Voruntersuchungen möglich waren. Aus diesem Grund stand hier zunächst die Erarbeitung eines DNA-Extraktionsprotokolls im Vordergrund.

Da zu Beginn der praktischen Arbeiten noch kein getrocknetes Pflanzenmaterial aus der Sahelzone zur Verfügung stand, wurden erste Vorversuche mit einheimischen Gräsern durchgeführt. Im Oktober 1994 konnten dann mit ersten Blattproben der fünf Zielarten *Brachiaria*, *Zornia*, *Alysicarpus*, *Cenchrus* und *Dactyloctenium* DNA-Extraktionen durchgeführt werden. Die besten Ergebnisse wurden bei den Gattungen *Brachiaria* und *Zornia* erzielt, so daß zunächst nur diese beiden Pflanzen mit RAPD-Markern analysiert wurden.

Basierend auf der RAPD-Prozedur von WILLIAMS et al. (1990) wurde für die beiden Pflanzenarten ein Standardprotokoll erstellt, das reproduzierbare und informative Marker erzeugte. Dieses Protokoll wich in einigen Punkten vom Originalprotokoll ab. So wurden im einzelnen die Konzentrationen für Magnesiumchlorid ($MgCl_2$), der pH-Wert des PCR-Puffers, die Konzentration der Pflanzen-DNA, die Anzahl der Reaktionszyklen sowie die Annealingtemperatur des PCR-Profils geringfügig geändert. Neben der besonderen Auswahl der *Taq*-DNA-Polymerase stellen die o. g. Faktoren in vielen RAPD-Studien bei Pflanzen, Bakterien und Pilzen stellen die o.g. Faktoren wichtige Variablen der RAPD-PCR dar (WILLIAMS et al. 1993; MACPHERSON et al. 1993; DEVOS & GALE 1992).

Die Einstellung der optimalen DNA-Konzentration ist stark von der jeweiligen Pflanzenart abhängig. So werden im allgemeinen Konzentrationen zwischen 1-500 ng DNA pro PCR-Reaktion verwendet. MUNTHALI et al. (1992) beispielsweise untersuchten DNA von Reis und Bananen mit RAPD-Markern und stellten fest, daß die optimale DNA-Konzentration bei Reis 170 ng und für Bananen 7 ng pro Reaktion betrug. DEVOS & GALE (1992) fanden bei RAPD-Untersuchungen an Weizen heraus, daß zu niedrige DNA-Konzentrationen (< 5ng) in der Regel zu variablen, nicht reproduzierbaren Bandenmuster führten, da die Wahrscheinlichkeit der Bildung neuer Primer-Template-Komplexe mit der DNA-Menge korreliert ist (WILLIAMS et al. 1993, WEISING et al. 1995). Zu hohe Konzentrationen hingegen führten zu unspezifischen Bandenmuster bzw. höher molekularen Fragmenten, die nach Anfärbung des Agarosegels mit Ethidiumbromid dann als „Schmier“ sichtbar wurden. In der vorliegenden Arbeit konnten mit DNA-Konzentrationen von 10-50 ng reproduzierbare Ergebnisse erzielt werden. Damit liegt dieser Wert im Bereich derer anderer RAPD-Untersuchungen bei Gräsern (*Panicum sp.*, M'RIBU & HILU 1994; *Panicum virgatum*, GUNTER et al. 1996; *Stylosanthes*, KAZAN et al. 1993; *Buchloè*, HUFF et al. 1993).

Neben der Konzentration spielt in der RAPD-PCR die Qualität der DNA eine wichtige Rolle. Bei *Brachiaria* und *Zornia* führten stark verunreinigte DNA zu keinem oder sehr variablem Bandenmuster. Erst nach wiederholtem Aufreinigen und Verdünnen der DNA-Proben konnten die Ergebnisse reproduziert werden.

MgCl₂ (Magnesiumchlorid) beeinflusst die Polymeraseaktivität und stabilisiert den Primer-Template-Komplex, führt aber bei unterschiedlichen Konzentrationen oft zu nicht reproduzierbaren Bandenmuster (WILLIAMS et al. 1991, 1993; WOLFF et al. 1993). Die optimale MgCl₂-Konzentration ist abhängig von der Auswahl des Primers und der DNA, wobei Konzentrationen >5mM in der Regel die Polymeraseaktivität hemmen, da es zu Interaktionen mit freien Nukleotiden kommt (ROLFS et al. 1992). Die hier beschriebenen RAPD-Analysen wurden mit 2.5 mM MgCl₂ durchgeführt und entsprachen damit den Protokollen von WILLIAMS et al. (1990) und WEISING et al. (1995).

Der Einsatz von *Taq*-DNA-Polymerasen verschiedener Hersteller führt oft zu unterschiedlichen RAPD-Bandenmuster, wodurch eine Reproduzierbarkeit nicht mehr möglich ist. Untersuchungen von SCHIERWATER & ENDER (1993) und MEUNIER & GRIMAUULT (1993) bestätigen dies, wobei sich die RAPD-Bandenmuster in Intensität, Größe und Anzahl der Fragmente stark voneinander unterscheiden. Die Ursachen dafür liegen wahrscheinlich in der unterschiedlichen Hitzestabilität einzelner Polymerasen. Das RAPD-Profil des Thermocyclers nimmt dabei einen entscheidenden Einfluß auf die Aktivität des Enzyms ein. So beträgt die Halbwertszeit der *Taq*-DNA-Polymerase 40 min bei 95°C und 130 min bei 92.5 °C (INNIS et al. 1990).

Die Annealing-Temperatur betrug für beide Futterpflanzen *Brachiaria* und *Zornia* 40°C und lag damit deutlich über den Werten anderer RAPD-Untersuchungen. So konnten KAZAN et al. (1992) *Stylosanthes*-Gräser aus Australien mit 37°C, M'RIBU & HILU (1994) verschiedene *Panicum*-Arten und HUFF et al. (1993) das Büffelgrass *Buchloè* mit nur 36°C untersuchen. Annealing-Temperaturen unter 38°C führten allerdings bei *Brachiaria* und *Zornia* zu stärkerem Hintergrund bzw. nicht reproduzierbaren Bandenmuster. Dies steht im Einklang mit Untersuchungen an Sojabohnen von WILLIAMS et al. (1990), die bei leichten Temperaturänderungen um +/- 1°C bei einer Annealing-Temperatur von 36 °C Unterschiede in der Anzahl und Intensität der RAPD-Fragmente beobachteten.

Kommen in einer RAPD-Analyse verschiedene oder mehrere Thermocycler des gleichen Typs zum Einsatz, sind ebenfalls Unterschiede im Bandenmuster die Folge (HOELZEL 1990; MACPHERSON et al. 1993). Die Ursache dafür liegt in den unterschiedliche Aufheiz- und Abkühlraten der Thermocycler. In der vorliegenden Arbeit wurden die RAPD-Analysen von *Brachiaria* auf einem luftgekühlten Thermocycler (*Hybaid Omnigene*) durchgeführt, der für

das gleiche RAPD-Profil etwa 60 min länger benötigte als ein mit einem Peltier-Element ausgestatteter Thermocycler (*MJ-Research PTC-200*), der für *Zornia*-Analysen eingesetzt wurde.

Die einfache und schnelle Durchführung der RAPD-Technik ermöglicht die Untersuchung großer Individuenzahlen bei gleichzeitiger hoher Ausbeute an molekulargenetischen Markern. Die viel diskutierte mangelnde Reproduzierbarkeit von RAPD-Markern stellt dabei zunächst einen entscheidenden Nachteil dar (WEEDEN et al. 1992). In vielen Veröffentlichungen (siehe oben) wurde deshalb darauf hingewiesen, nicht auf bereits bestehende RAPD-Protokolle zu vertrauen, sondern für jedes RAPD-Experiment ein optimales Versuchsprotokoll zu erarbeiten, damit die Ausbeute und Reproduzierbarkeit der RAPD-Analyse gewährleistet ist. Durch Wiederholung der RAPD-Analyse unter gleichen Reaktionsbedingungen kann somit die Fehlerrate auf ein Minimum reduziert werden.

Die Auswahl geeigneter Primer war für *Brachiaria* einfacher durchzuführen als für *Zornia*. Die meisten der insgesamt 100 für *Brachiaria* getesteten Primer konnten die fünf untersuchten Arten differenzieren. Für die RAPD-Analysen der fünf *Brachiaria*-Arten wurden letztlich 10 Primer ausgewählt werden, die polymorphe und reproduzierbare Bandenmuster lieferten. Für *Zornia* gestaltete sich die Suche nach informativen Primern insofern schwieriger, da nur eine Art untersucht wurde. Ein Großteil der insgesamt 120 getesteten Primer konnte nicht für weitere Versuche eingesetzt werden, da oft kein Bandenmuster sichtbar war oder keine polymorphen RAPD-Marker produziert wurden. Deshalb wurden hier zunächst nur 6 Primer ausgewertet.

Entscheidend in einer RAPD-Analyse sind aber nicht die Anzahl eingesetzter Primer, sondern die Ausbeute an informativen und polymorphen RAPD-Markern. Jeder Primer besteht aus einer willkürlich gewählten „random“-Basensequenz, die so gewählt wurde, daß sie möglichst nicht zu spezifischen DNA-Abschnitten (z.B. Gene, Restriktionsschnittstellen) komplementär ist. Berechnet man die genetischen Variabilität einer Population, sollten deshalb alle amplifizierten RAPD-Marker zunächst unabhängig voneinander behandelt werden. Primer werden erst dann in die Berechnungen mit einbezogen, wenn eine Charakterisierung bzw. Identifizierung einer Population oder Pflanzenart gefordert ist. RAPD-Untersuchungen anderer natürlicher Pflanzenpopulationen zeigten, daß nicht mehr als 10 Primer notwendig sind, um ausreichend informative RAPD-Marker zu erhalten. So konnten z.B. HILU et al. (1997) mit 8 Primer fünf verschiedene Hirse-Arten der Gattung *Digitaria* differenzieren, wobei insgesamt 112 polymorphe RAPD-Marker erzeugt wurden. MRIBU et al. (1994) setzten 11 Primer bei vier Hirse-Arten der Gattung *Panicum* ein. Hierbei konnten aus 294 Markern für jede Art im Durchschnitt 33 spezifische RAPD-Marker identifiziert werden.

HUFF et al. (1993) differenzierten vier Populationen des Büffelgrass *Buchloè* aus Mexiko und Texas anhand von 7 Primer und 98 polymorphen RAPD-Markern. SHAH et al. (1994) fanden mit 9 Primern 41 polymorphe RAPD-Marker bei der Ölpalme *Elaeis* in verschiedenen Ländern West- und Zentralafrikas. In *Brachiaria* wurden mit 10 Primer insgesamt 250 RAPD-Marker identifiziert, davon waren 248 polymorph und zwei monomorph. Jeder Primer amplifizierte zwischen 14 und 35 RAPD-Marker.

Die Auswertung der fünf *Brachiaria*-Arten ergab zwischen 65 und 111 Markern. Der Anteil polymorpher Marker betrug bei *B. xantholeuca* 81 %, *B. nidulans* 63 %, *B. orthostachys* 62 %, *B. ramosa* 30 % und *B. lata* 31 %. Aufgrund der unterschiedlich großen Stichprobenzahlen sind diese Werte nicht ohne Einschränkung miteinander vergleichbar. *B. xantholeuca* zeigt zwar die höchste genetische Variabilität, stellt aber auch gleichzeitig mit 188 Individuen die größte Stichprobe innerhalb der Gattung *Brachiaria* dar. *B. ramosa* und *B. lata* hingegen sind mit 6 bzw. 4 Individuen die kleinsten Stichproben und weisen die niedrigste genetische Variabilität auf. Damit ist offensichtlich bei *Brachiaria* die Anzahl polymorpher Marker mit der Stichprobenzahl korreliert, wobei die genetischen Unterschiede auf dem Individuenlevel den größten Einfluß auf die genetische Variabilität der Stichprobe nehmen. An dieser Stelle wird auf eine weitere Fehlerquelle der RAPD-PCR hingewiesen, die besonders dann von Bedeutung ist, wenn z.B. wie hier verschiedene Arten einer Gattung verglichen werden. RAPD-Fragmente liefern nur eine begrenzte Sequenzinformation. Im Unterschied zu RFLP-Marker ist bei RAPD-Markern nur die Anfang- und die Endsequenz des Amplicons bekannt. Dies kann z.B. bedeuten, daß zwei RAPD-Marker, die in einem Agarosegel die gleiche Wanderungsgeschwindigkeit aufweisen, in der Auswertung als genetisch identisch bewertet werden, obwohl sie sich an zwei unterschiedlichen Stellen des Genoms befinden. Weiterhin erhält man keinerlei Information über die Basensequenz zwischen den beiden Primerenden. Um diesen Fehler und damit resultierende Fehlinterpretationen so klein wie möglich zu halten, können solche RAPD-Marker isoliert und als Sonde in einer DNA-DNA-Hybridisierung eingesetzt werden. Damit ist eine Differenzierung unterschiedlicher Loci möglich (WILLIAMS et al. 1993). In einer RAPD-Studie untersuchten THORMANN et al. (1994) die Verwandtschaftsbeziehungen dreier *Brassica*-Arten zueinander und fanden heraus, daß genetisch identische Amplicons nur bei sehr nahe verwandten Arten auftreten, so z.B. bei *Brassica rapa* (A-Genom) und der allotetraploiden Art *Brassica juncea* (AB-Genom). Bei *Brassica oleracea* und *Brassica napus* (C-Genom und AC-Genom) wurden hingegen keine Hybridisierungen gleich großer DNA-Fragmente beobachtet. Die Wahrscheinlichkeit, daß Amplicons gleichen Molekulargewichtes genetisch identisch sind, schätzen WILLIAMS et al. (1993) mit 10 % ein. Um diesen Fehler möglichst gering zu halten, können Agarosegele oder

Polyacrylamidgele mit größerem Auftrennungsvermögen eingesetzt werden. Dadurch ist es möglich, DNA-Fragmente zu differenzieren, bei denen sich das Molekulargewicht um nur wenige Basen unterscheidet (ROLFS et al. 1992). In der vorliegenden Arbeit wurden mit Hilfe spezieller Software (RFLPscan) die RAPD-Bandenmuster ausgewertet. Hierbei war durch das zusätzliche Auftragen eines DNA-Längenstandards auf jedes Agarosegels eine exakte Bestimmung des Molekulargewichtes einzelner Marker möglich.

(2) Futterpflanzen in der Sahelzone

In der Sahelzone gibt es eine ganze Reihe von Futterpflanzen, die unter den dortigen natürlichen Verhältnissen und ohne Zutun des Menschen gedeihen. Dazu gehören einjährige und ausdauernde Gräser und Kräuter, sowie Sträucher und Bäume, deren Blätter und Früchte für die Ernährung der Tiere von Bedeutung sind. Das Gedeihen der Futterpflanzen hängt im wesentlichen von der Niederschlagsmenge und deren Verteilung innerhalb der Regenmonate ab. BARTHA (1970) unterscheidet hierbei verschiedene Gruppen von Futterpflanzen, die sich in der Regenperiode und der trockenen Jahreszeit in ihrer Anpassung an Hitze und Wasserstreß unterscheiden. So beschreibt er Futterpflanzen, die während der Regenmonate ein starkes Wachstum aufweisen, aber verhältnismäßig rasch verholzen bzw. ihre Blätter am Ende der Regenzeit verlieren (z.B. *Sesbania leptocarpa*); andere Futterpflanzen zerfallen sofort zu Beginn der Trockenzeit und stehen den Tieren als Trockenweide nicht mehr zur Verfügung (*Panicum laetum*, *Dactyloctenium aegyptium*). Da es in der Sahelzone im allgemeinen nicht üblich ist, die Weiden während der Regenzeit zu mähen und viele Nomaden ihr Vieh in den Norden des Sahels getrieben haben, findet die Abweidung des Grünfutters nicht in vollem Umfang statt. Es bleiben somit wertvolle Futterpflanzen ungenutzt stehen und vertrocknen mit Beginn der Trockenzeit. Besser geeignet hierfür sind Futterpflanzen, die am Halm abtrocknen und dann als Trockenweide die gesamte Trockenzeit hindurch die Ernährung der Tiere sichern (*Aristida mutabilis*, *Zornia glochidiata*, *Brachiaria* sp.). Dazu gehören auch solche Pflanzen, die einen großen Teil oder sogar die ganze Trockenzeit über grün bleiben, allerdings werden diese meistens schon zu Beginn der Trockenperiode abgefressen (*Tephrosia purpurea*).

Um den Energiewert einer Pflanze zu berechnen, wurden von BARTHA (1970) Futterpflanzen im Sahel zum Zeitpunkt der vollen Blüte gesammelt, getrocknet und Rohprotein, Rohfaser, Rohfette, Mineralien und andere Inhaltstoffe untersucht und aus diesen Daten für jede Pflanzenart eine Testzahl berechnet. Unberücksichtigt blieben hierbei wichtige Kriterien wie z.B. der Flächenertrag, Verhalten gegenüber zunehmender Trockenheit oder starker Beweidung, die Akzeptanz und Verträglichkeit während der Futteraufnahme. Nach diesen Berechnungen zeigten Pflanzen aus der Familie der *Poaceae* die höchsten Werte, beginnend

mit *Brachiaria ramosa*, *Panicum laetum* und *Cenchrus biflorus*, gefolgt von *Aristida stipoides* und *Aristida pallida*. Bei der Futteraufnahme standen die drei erstgenannten Arten ebenfalls an der Spitze der Beliebtheit bei den Tieren. BARTHA betont allerdings, daß diese Staffelung nur während der Regenzeit bzw. zum Zeitpunkt der Blüte ihre Gültigkeit hat. In der Trockenperiode nimmt die Qualität der Futterpflanze rapide ab und erreicht nur noch sehr niedrige Testzahlen. Andererseits bildet z.B. die Blüte bei *Cenchrus biflorus* nach der Samenreife Stacheln aus und wird deshalb vom Vieh gemieden. Aufgrund des wesentlich höheren Eiweißanteils liegen die Testzahlen für Leguminosen deutlich höher und verdeutlichen damit ihre besondere Bedeutung als Bestandteile der Weiden. In einem Vergleich mit Angaben der DLG (Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft) stehen der Weißklee (*Trifolium repens*), die weiße Süßlupine (*Lupinus albus*) sowie der Rotklee (*Trifolium pratense*) qualitativ an der Spitze deutscher Weideleguminosen, wobei sich letztgenannter etwa auf der Höhe der afrikanischen Gräser *Brachiaria ramosa* und *Panicum laetum* befindet. Afrikanische Futterleguminosen können aber ohne weiteres mit dieser Futterqualität mithalten, so erreichen sie mit *Sesbania leptocarpa* und *Indigofera aspera* Testzahlen über denen des Weißkleees und mit *Crotalaria podocarpa* Testzahlen in der Höhe der weißen Süßlupine. *Zornia glochidiata* liegt qualitativ etwas und *Alysicarpus ovalifolius* deutlich unter dem Rotklee. Als qualitativ niedrig werden von BARTHA (1970) die im Sahel weit verbreiteteten Futtergräser *Andropogon gayanus*, *Aristida stipoides* und *Schoenefeldia gracilis* eingestuft.

In der vorliegenden Arbeit wurden insgesamt 309 Pflanzenproben verschiedener *Brachiaria*-Arten und 80 Pflanzenproben von *Zornia glochidiata* mit RAPD-Markern untersucht. Da eine Bestimmung der *Brachiaria*-Arten im Gelände zeitaufwändig war und zu diesem Zeitpunkt noch keine molekulargenetischen Daten zur genauen Identifizierung vorlagen, wurden ein Teil der gesammelten Blattproben von Prof. Scholz (FU Berlin) morphologisch und gleichzeitig in Giessen molekulargenetisch untersucht. Mit Ausnahme zweier Pflanzenproben aus *Diffa-I*, stimmten die Gruppierungen aus der Clusteranalyse mit den Ergebnissen von Scholz übereinstimmten. Nun war es möglich, 307 der 309 gesammelten und untersuchten Pflanzenproben in fünf *Brachiaria*-Arten (*B. xantholeuca*, *B. nidulans*, *B. orthostachys*, *B. ramosa* und *B. lata*) einzuordnen. *B. nidulans* wurde von Scholz neukombiniert und mit den vier *Brachiaria*-Arten in die Gattung *Urochloa* eingeordnet (KUSSEROW et al. 1999b). Scholz diskutiert hierbei alle in den Tropen verbreiteten Arten der Gattung *Brachiaria*.

Die hohe Übereinstimmung zwischen der morphologischen und molekulargenetischen Untersuchung zeigte, daß die RAPD-Methode generell dazu geeignet ist, nah verwandte

Pflanzenarten zu diskriminieren. Mit Hilfe polymorpher RAPD-Marker können Pflanzenproben nachträglich taxonomisch eingeordnet werden, die im Gelände durch Verbiß keine morphologischen Unterscheidungsmerkmale mehr aufweisen. An dieser Stelle sei nochmals auf die Problematik der Pflanzensammlungen im Gelände hingewiesen. An den meisten Standorten wurden die erforderlichen 10 Individuen nicht gefunden, nach der molekulargenetischen Analyse stellte sich zudem heraus, daß neben den beiden (gut zu unterscheidenden) Arten *B. xantholeuca* und *B. ramosa* noch weitere drei Arten gesammelt wurden. Dies reduzierte den Stichprobenumfang pro Art zusätzlich.

Zu Beginn der Projektplanung durch das IPGRI-Rom aus der 2. Hälfte der 80er Jahre waren zunächst keine molekulargenetischen Analysen vorgesehen, vielmehr sollten die Futterpflanzen mit biochemischen Markern (Isozymanalyse) untersucht werden.

Da sich zu Beginn der 90er Jahre in der Molekulargenetik die PCR-Technik und mit ihr die RAPD-Methode etablierte, wurde diese Analysetechnik mit den o.g. Fragestellungen in das Gesamtprojekt aufgenommen. Hierbei wurde die Anzahl der zu untersuchenden Standorte beibehalten und die Stichprobengröße mit 10 bzw. 20 Individuen pro Standort festgelegt.

Einige der Standorte konnten in den geplanten vier Jahren 1993-1996 nicht beprobt werden, da sie als Ackeranbauflächen genutzt wurden. Weiterhin wurden insbesondere 1995 im Sahel (Region Tahoua) sowie in der Region um Sokolo/Niono in Mali keine Pflanzenproben mehr entnommen werden, da hier mit einer militärischen Konfrontation bewaffneter Tuareg-Banden zu rechnen war. Daher wurden die meisten Testflächen in den Südsahel gelegt.

Welche Aussagen können nun hinsichtlich der genetischen Diversität der ausgewählten Standorte getroffen werden? Können unterschiedliche edaphische und klimatische Parameter am Standort mit genetischen Markern charakterisiert werden? Kann die Dynamik einer Pflanzenpopulation innerhalb weniger Untersuchungsjahre anhand von RAPD-Markern beschrieben werden?

Die RAPD-Analysen zeigen, daß die beide Futterpflanzen *Brachiaria* und *Zornia* über eine große genetische Variabilität verfügen, die es ihnen ermöglicht, auf die unterschiedlichen klimatischen Einflüsse der Sahelzone schnell und individuell zu reagieren. Die genetische Zusammensetzung einer Pflanzenpopulation im Sahel ist im besonderen Maße abhängig vom jährlichen Niederschlag, dem Bodenprofil und dem Samenvorrat. LE HOURÈOU (1989) unterscheidet nach CISSÈ (1986) trockenresistente Arten nach unterschiedlichen Keim- und Wachstumscharakteristiken. Dazu zählen u.a. die Festigkeit der Samenschale, die Keimge-

schwindigkeit, Länge der vegetativen bzw. reproduktiven Wachstumsphasen, Samenproduktion, Anzahl der nötigen Keimimpulse, Trockenresistenz der Samen. Danach tendieren Arten, die in relativ trockenen Jahren (charakterisiert durch unregelmäßigen und spärlichen Niederschlag, unterbrochen von längeren Trockenperioden) am Standort dominant waren, zur Ausbildung von weichen Samen, die schnell keimen und einen kurzen generativen Zyklus aufweisen. Umgekehrt entwickeln Arten, die sich in Jahren mit ausreichendem Niederschlag am Standort ausbreiten konnten, Samen mit harter Schale aus, die eine langsame Keimphase, einen längeren Reproduktionszyklus und nur eine geringe Trockenresistenz aufweisen. Dieser Prozeß würde u.a. erklären, daß es am Standort aufgrund in der Höhe unterschiedlich stark schwankende Jahresniederschläge zur Ausbildung von „temporären Genotypen“ kommt. Als eine Ursache dafür kann ein zeitlich verzögertes Auskeimen des Samens diskutiert werden, im Falle von *Brachiaria xantholeuca*, auch eine ein- bis mehrjährigen Samenruhe. Ähnliches ist bei *Brachiaria nidulans* am Standort *Zinder* zu beobachten. Die beiden Standorte *I* und *II* sind hier durch die Piste etwa 10 m voneinander getrennt, die Blattproben wurden im Abstand von 4 Wochen gesammelt und konnten mit RAPD-Marker diskriminiert werden. Im Gegensatz dazu findet man am Standort *H4* (*B. xantholeuca*) bei 50 Individuen diese Differenzierung nicht. Beide Standorte unterscheiden sich deutlich in ihrer geographischen Lage und der jährlichen Niederschlagsmenge (*H4* = 584.6 mm; *Zinder* = 365.1 mm).

Erst durch Messungen des tatsächlichen Niederschlages vor Ort, sowie einer genauen Abschätzung des Weidedrucks während der Regenzeit können nähere Angaben zur Veränderung und Dynamik einer Pflanzenpopulation erstellt werden. Nach LE HOURÈOU (1986) nimmt die Niederschlagswahrscheinlichkeit im Sahel ausgehend von der südlichen Sahelischen-Sudanischen Übergangzone (400-600 mm Jahresniederschlag) über die Sahelzone „sensu stricto“ (200-400 mm Jahresniederschlag) zur Saharo-Sahelischen Übergangzone (100-200mm Jahresniederschlag) kontinuierlich ab. Der mittlere Variationskoeffizient (C.V.) fällt entsprechend von 43 % über 34.5 % auf 28.5 % und beschreibt damit die Zunahme des Streßes für die Pflanzen in ariden Gebieten.

Weiterhin müssen für die 34 untersuchten Standorte verschiedene Bodentypen diskutiert werden. Sand- und Lateritböden unterscheiden sich u.a. durch ihr Abflußverhalten, wonach Sandböden aufgrund des größeren Porenvolumens für eine bessere Durchlüftung und damit schnelleren Aufnahme des Oberflächenwassers geeignet sind. Da die wenigen Niederschläge im Sahel oft als kurze, heftige Regenschauer niedergehen, kann ein Sandboden aufgrund der geringen Wasserspeicherkapazität nur einen Teil des Wassers binden. Bei z.T. stark verkrusteten Lateritböden führt verstärkter oberirdischer Abfluß des Regenwassers nicht zu einer wirklichen Durchfeuchtung des Bodens. Aufgrund der Komplexität verschiedener

Bodentypen und der hochdiversen RAPD-Muster konnten keine Korrelationen beobachtet werden.

Nach morphologischen Kriterien geht Scholz sowohl bei *Brachiaria* als auch bei *Zornia* von Fremdbefruchtung (Windbestäubung) aus, damit stellen die geographischen Verteilungsmuster der untersuchten Standorte wichtige Größen bei der Beurteilung der genetischen Diversität dar (das Vieh trägt zu einem kleinen Prozentsatz zur Verbreitung der Samen bei (Darmassage)).

Anhand der vorliegenden Daten kann eine Korrelation zwischen dem Niederschlag und der genetischen Diversität verschiedener Standortpopulationen diskutiert werden. Vergleicht man die Standorte *H1*, *H2* und *H4* der feuchteren Sahelo-Sudanischen Übergangszone mit den Standorten *H10*, *H11* und *H13* der trockeneren Sahelzone „sensu stricto“, so können erstere nicht oder nur sehr schwach, letztere hingegen sehr gut voneinander diskriminiert werden. Am Beispiel dieser beiden Gruppen können Ökotypen diskutiert werden, die im Umkreis von 50 km liegen.

Standorte wie *Sevarè* in Mali und *Ouahigouya* in Burkina Faso, die 700 km bzw. 500 km von Niamey entfernt sind, zeigten deutliche Unterschiede im genetischen Muster und konnten durch den Besitz standortspezifischer Markern klar von den restlichen Standorten diskriminiert werden werden.

Können anhand der molekulargenetischen Daten Testgebiete ausgewählt werden, die für eine *in situ* Konservierung geeignet sind?

Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit sind erste wichtige Ergebnisse im Hinblick einer *in situ* Konservierung pflanzengenetischer Ressourcen. Einschließlich der biochemischen Daten von I. Salifou liegen nun erste Informationen über die Verbreitung und die genetische Diversität von Futterpflanzen aus dem Sahel vor. Sie dienen als Basis für weiterführende Projekte. *B. nidulans* und *B. orthostachys* zeigen eine hohe Standortspezifität, *B. xantholeuca* weist hingegen eine eher regionale Homogenität auf. Dies bedeutet bezüglich einer *in situ* Konservierung die Berücksichtigung vieler Standorte. *Zornia glochidiata* hingegen zeigte generell eine hohe individuelle genetische Heterogenität, damit kann hier ein breites genetisches Spektrum schon mit wenigen Standorten gesichert werden.

Neben den nun vorliegenden Untersuchungen der genetischen Diversität wurden innerhalb des Gesamtprojektes weitere Teilaspekte bezüglich einer *in situ* Konservierung erarbeitet.

Frau A. Perschon (TU Berlin) führte dazu eine bodenökologische Bewertung von 25 verschiedenen Lokalitäten Westafrikas unter Berücksichtigung ihrer Eignung als Pflanzenstandort durch (in KUSSEROW 1997). Danach konnten wichtige Standorteigenschaften wie der pH-Wert, Stickstoff-, Phosphat- und organischer Kohlenstoffgehalt und Mineralstoffgehalt für die Beurteilung der Böden herangezogen werden. Weiterhin wurden die physikalischen Eigenschaften wie Korngrößenverteilung, Steingehalte und Gründigkeit der Böden analysiert. Diese Parameter sind entscheidend für den Wasserhaushalt des Bodens. Sie bestimmen, wie gut der Boden das Wasser speichern und den Pflanzen anschließend wieder zur Verfügung stellen kann. Damit ist auch die Möglichkeit der Nährstoffaufnahme verknüpft, denn ohne Wasser findet kein Transport zu den Pflanzenwurzeln statt. Somit sollte ein Pflanzenstandort mit mäßiger Nährstoffversorgung und einem guten Wasserhaushalt sicher besser beurteilt werden als ein Standort mit guten Nährstoffverhältnissen und sehr geringen Wassergehalten. Der pH-Wert lag zwischen 4.7 und 7.0 und wurde als besonders günstig bewertet, da er u.a. die Aufnahme von Phosphat begünstigt, der ansonsten als Calciumphosphat fixiert und für die Pflanzen dann nicht verfügbar ist (SCHEFFER & SCHACHTSCHABEL 1992). Als problematisch wurden Standorte eingeschätzt, an denen der pH-Wert kleiner 5.5 gemessen wurde, da dies in Verbindung mit hohen Aluminiumwerten zu einer Pflanzentoxizität führen kann. Dies betraf die Standorte *T1*, *T2*, *T3*, *Ouagadougou* (Standorte mit *Z. glochidiata*) sowie *H1* und *Ouahigouya* (Standorte mit *B. xantholeuca*). Stickstoff- und Phosphatgehalte wurden nach landwirtschaftlichen Klassifikationsmaßstäben als sehr gering eingestuft. An den meisten Standorten wurden Werte unter 1g/m^2 Phosphat gemessen. Da in ariden bis semiariden Gebieten mit Niederschlägen von 200-600 mm der Humusgehalt des Bodens sehr gering ist (<1%; BLANCKENBURG & CREMER 1971) bestätigten die Meßwerte für Stickstoff und lagen zwischen 14 und 115g/m^2 . Im Vergleich dazu werden in Mitteleuropa in der Pflanzenproduktion Höchstserträge bei einer Stickstoffversorgung von 120 kg/ha erzielt (SCHEFFER & SCHACHTSCHABEL 1992). Gleiches gilt für die Analyse der organischen Substanz im Boden, die deutlich unterhalb einem Prozent lag.

Weiterhin wurden von Fr. L. Creemers (FU Berlin) im Zeitraum von 3 Monaten in drei ausgewählten Dörfern (Tera, Damari, Tamou) sozioökonomische Analysen durchgeführt (KUSSEROW 1997). Diese Dörfer liegen auf einer Nord-Südlinie, die eine Ausdehnung von ca. 140 km hat. Der Schwerpunkt ihrer Untersuchung umfaßte u.a. Fragen zur Veränderung der Vegetation, zum Thema Tierhaltung und der Sensibilisierung der Bevölkerung in Bezug auf einen Ressourcenschutz. Unter dem Begriff „*In situ* Konservierung“ verstehen FORD-LLOYD & JACKSON (1986; in NDAMBUKI 1991) eine „conservation and protection of genetic resources in their natural habitat“. Das heißt, die betroffene Bevölkerung soll aktiv in

das Ressourcenschutzprogramm eingebunden werden (IWANAGA 1995), zumal ihre Felder und Weiden in dieser Zeit nicht oder nur kontrolliert beweidet werden können.

Fr. Dr. K. Küppers (Uni Frankfurt) führte pflanzensoziologische Untersuchungen an 20 Testflächen durch und konnte 73 Vegetationsaufnahmen in insgesamt vier verschiedene Gesellschaften gruppieren (KUSSEROW 1997). Dazu zählen zunächst die Gehölzstreifen der Brousse tigrè mit 11 Gehölzarten und 47 krautige Arten; die Freiflächen der Brousse tigrè mit 27 Gräsern und Kräuter. Die dritte Einheit wird von alten Brachflächen auf Sand und Dünenvegetation eingenommen. Hier wurden in der Krautschicht insgesamt 50, in der Strauchschicht 2-3 Arten angetroffen. Die Vegetation der Straßenränder ist die vierte Einheit, hier wurden insgesamt 64 Arten gezählt. Als Testfläche wurde das ICRISAT-Gelände herangezogen, wobei innerhalb einer kontrolliert beweideten Testfläche 18-25, außerhalb dieser nur 12-13 Arten gefunden wurden.

Fr. Dr. H. Kusserow (FU Berlin) untersuchte mit Hilfe von Satellitenaufnahmen die Vegetationsveränderungen der letzten 23 Jahre (1973-1996) einer 160 km x 160 km großen Fläche südlich von Niamey (Hier befinden sich die Standorte *T1*, *T2*, *H1-H6* und *ICRISAT*). Sie konnte vier große Einheiten definieren: 1) Plateauflächen, 2) Täler, 3) der Niger und mit den im Überschwemmungsgebiet angelegten Reisanbaugebieten und 4) degradierte Gebiete, die sich durch eine spärliche Vegetation und einige landwirtschaftliche Flächen auszeichnen. Die Auswertungen der Satellitenaufnahmen zeigten eine deutliche Auflichtung der Vegetation in den vergangenen Jahren bedingt durch Abholzungen zur Anlage von Feldern und zum Feuerholzbedarf. Dadurch erfolgte eine erhebliche Verkleinerung des für Futterarten zur Verfügung stehenden Areals. Die hier untersuchten Futterpflanzen wurden deshalb vorwiegend am Rande von Hirsefelder gefunden. Weiterhin konnte eine Zunahme an degradierten Böden beobachtet werden, wo die Sandauflage durch Wind und Wasser wegtransportiert wurde. Die Folgen sind versiegelte und verkrustete Böden, die zu immer größeren vegetationslosen Flächen heranwachsen.

Zusammenfassend kann festgestellt werden:

Die hier vorgestellten RAPD-Ergebnisse stellen in Verbindung mit den biochemischen Analysen, den Bodendaten, den sozioökonomische und pflanzensoziologische Untersuchungen sowie den Satellitenauswertungen eine solide Grundlage für weiterführende Forschungsprojekte auf dem Gebiet des Ressourcenschutzes im Sahel dar. Die hier untersuchten Futterpflanzen besitzen eine hohe genetische Variabilität, die es ihnen ermöglicht, in relativ kurzer Zeit auf wechselnde Klimaeinflüsse reagieren, um so den Bestand der Population zu sichern. Das Untersuchungsgebiet erstreckte sich über ca. 2000 km Ost-

West-Ausdehnung in der Sahelzone und stellt in der o. g. Kombination ein Pilotprojekt dar. Da der Großteil der untersuchten Standorte mit RAPD-Markern differenziert werden konnte, verteilt sich somit die genetische Variabilität über das gesamte Untersuchungsgebiet hinweg und sollte deshalb im Zuge einer *in situ* Konservierung berücksichtigt werden.

Für die Bevölkerung stellen diese Futterpflanzen eine wichtige Nahrungsressource dar. Der potentielle Wert, den diese Pflanzen besitzen, wird insbesondere bei einigen *Brachiaria*-Arten deutlich, die verstärkt in den 70er Jahren in Lateinamerika eingeführt und heute im großen Stil kultiviert werden. Allein in Brasilien werden heutzutage mehr als 50 Mio. ha Grünland mit *Brachiaria* Pflanzen angebaut (MILES 1996).

6. Zusammenfassung

Brachiaria und *Zornia* gehören zu den wichtigsten wildwachsenden Futterpflanzen in der Sahelzone Westafrikas. Durch den Besitz von Hitze- und Trockenresistenzen sind sie optimal an die extremen Klimate angepaßt, und können große Niederschlagsschwankungen während Regenzeit überstehen. Extensiver Ackerbau und Überweidung zerstören jedoch große Teile der für den Menschen nutzbaren Gebiete im Sahel (Verknappung der Futterpflanzen). Diese Gebiete sind nur bedingt für den Ackerbau geeignet und die angelegten Hirsefelder werden nach einigen Jahren wieder aufgegeben. Die Folgen sind zunehmende Desertifikationsprozesse. Aufgrund der besonderen Bedeutung für die Bevölkerung und der Pflanzenzüchtung wurde in einem internationalen Projekt eine umfassende Standortbeschreibung dieser Futterpflanzen durchgeführt. Damit wurde eine solide Grundlage für weiterführende Projekte geschaffen, so z. B. die Errichtung von Schutzzonen im Zuge einer *in situ* Konservierung.

In der vorliegende Arbeit wurden in einem ca. 2000 km großen Untersuchungsgebiet die genetischen Diversität von *Brachiaria* und *Zornia* untersucht. Dazu wurden 34 Standorte ausgewählt und über mehrere Jahre Pflanzenproben entnommen und mit RAPD-Markern analysiert. Für *Brachiaria* konnten 309 Individuen aus 25 Standorten mit 10 Primern untersucht werden. Ein Teil dieser Pflanzenproben wurde morphologisch bestimmt (Prof. Scholz, FU Berlin) und hierbei fünf *Brachiaria* Arten (*B. xantholeuca*, *B. nidulans*, *B. orthostachys*, *B. ramosa*, *B. lata*) identifiziert. Die RAPD-Ergebnisse der gleichen Blattproben zeigten in der Clusteranalyse eine Auftrennung in 5 Gruppen, die eine 100 %ige Übereinstimmung mit der morphologischen Bestimmung und damit eine Charakterisierung dieser *Brachiaria* Arten anhand von RAPD-Markern möglich machte. Die fünf *Brachiaria* Arten zeigten eine hohe genetische Variabilität, die meisten Standorte konnten mit RAPD-Markern charakterisiert werden. An einigen Standorten war eine Differenzierung von zwei bzw. drei Sammeljahren möglich, der Begriff des „temporären Genotypen“ soll hier genannt werden. Für *B. xantholeuca* konnten Standorte im Umkreis von 50 km aufgrund ihrer hohen genetischen Ähnlichkeit zu Ökotypen zusammengefaßt werden. *B. xantholeuca* weist somit eine hohe regionale Homogenität, *B. nidulans* und *B. orthostachys* hingegen eine hohe Standortspezifität.

Zornia wurde mit 80 Pflanzenproben und 6 Primern untersucht. Die genetische Variabilität war sehr groß und zeigte eine hohe interindividuelle Heterogenität. Dadurch war weder eine Differenzierung der Standorte noch der drei Sammeljahre möglich.

Um ein tieferes Verständnis der beobachteten Regional- und Jahreseffekte zu erhalten, sind weitere umfangreiche molekulargenetische Untersuchungen nötig. Dazu könnten RAPD-Analysen der drei Futterpflanzen *Alysicarpus*, *Dactyloctenium* und *Cenchrus* beitragen.

7. Literaturverzeichnis

- ANNUAIRE METEOROLOGIQUE DU NIGER, 1994, 1995: Jahresbericht der meteorologischen Station am ICRISAT in Sadore, Niger.
- ANDREWS, F. W., 1956: The flowering plants of the Sudan. Abroath.
- AUBREVILLE, A., 1949: Climats, Forêts et Désertification de l'Afrique Tropicales. Pris: Société d'Édition Géographiques, Maritimes et Coloniales.
- BARTHA, R., 1970: Futterpflanzen in der Sahelzone. IFO- Institut für Wirtschaftsforschung München, Afrika- Studien 48. Weltforum Verlag München.
- BLANKENBURG, P. & H.D. CREMER, 1971: Handbuch der Landwirtschaft und Ernährung in den Entwicklungsländern. 44-76; 96-121, Stuttgart, Verlag Eugen Ulmer.
- BLOGG, D. & B. C. IMRIE, 1982: Starch-gel electrophoresis for soybean cultivar identification. Seed Sci. Technol., 10, 19-24.
- BOTSTEIN, D., R. L. WHITE, M. SKOLNICK & R. W. DAVIS, 1980: Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am. J. Hum. Genet., 32, 314-331.
- BREMAN, H. & C. T. DE WIT, 1983: Rangeland productivity and exploitation in the Sahel. Science, 221, 1341-1347.
- CARMAN, J. G., 1992: Unifying our efforts to create apomictic crops. Apomixis Newsletter 5, 47-50.
- CHEVALIER, A., 1900: Les zones et les provinces botaniques de l'AOF C R Acad Sci, CXXX, 18, 1205-1208.
- CISSÈ, A. M. 1986: Dynamique de la strate herbacée des pâturages Soudano-Sahélien. Thèse de 3ème Cycle. Ec. Norm. Sup. Bamako.
- CLARK, A. G. & C. M. S. LANIGAN, 1993: Prospects for estimating nucleotide divergence with RAPDs. Mol. Biol. Evol., 10, 5, 1096-1111.
- CLAYTON, W. D. & S. A. RENVOIZE, 1982: Gramineae (Part 3). In: POLHILL, R. M. (Ed.). Flora of tropical East Africa. Rotterdam.
- CLAYTON, W. D. & S. A. RENVOIZE, 1986: Genera Graminum. Her Majesty's Stationery Office, London, UK.
- DE VRIES, F. W. T. & A. M. DJIETEYE, 1982: La productivité des pâturages sahéliens. PUDOC, Wageningen.
- DEVOS, K. M. & M. D. GALE, 1992: The use of random amplified polymorphic DNA markers in wheat. Theor. Appl. Genet., 84, 567-572.

- DICE, L. R., 1945: Measurement of the amount of ecological association between species. *Ecology*, 26, 295-302.
- DO VALLE, C. B. & J. W. MILES, 1994: Melhoramento de gramíneas do gênero *Brachiaria*. In: PEIXOTO, A. M., J. C. DE MOURA & V. P. DE FARIA (eds.) [Proceedings of the] XI simposio sobre manejo da pastagem. FEALQ, Piracicaba, SP, Brazil, 1-23.
- DOYLE, J. J. & J. L. DOYLE, 1990: Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13-15.
- DREGNE, H.E., 1983: Desertification of Arid Lands. Harwood Academic, Chur, Switzerland.
- EDWARDS, K., C. JOHNSTONE & C. THOMPSON, 1991: A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. *Nucleic Acids Res. Oxford*, IRL Press. Volume 19, 6, 1349.
- EXCOFFIER, N. C., P. E. SMOUSE & J. M. QUATTRO, 1992: Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131, 479-491.
- FOY, C. D., R. L. CHANEY & M. C. WHITE, 1978: The Physiology of Metal Toxicity in Plants. *Ann. Rev. Plant Physiol.*, 29, 511-566.
- GJURIC, R. & S. R. SMITH, 1996: Identification of cross-pollinated and self-pollinated progeny in alfalfa through RAPD nulliplex loci analysis. *Crop. Sci.*, 36, 389-393.
- GLATZLE, A., 1990: Weidewirtschaft in den Tropen und Subtropen. Stuttgart, Ulmer Verlag.
- GOODMAN, M. M. & C. W. STUBER, 1980: Genetic identification of lines and crosses using isoenzyme electrophoresis. *Ann. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf. Proc.*, 35, 10-31.
- GRAINGER, A., 1992: Characterization and assessment of desertification processes. *Desertified Grasslands: Their Biology and Management*. The Linnean Society of London. ISBN 0-12-168570-5.
- GRISEBACH, A., 1853: *Gramineae*. In: LEDEBOUR, C.F. (ED.). *Flora Rossica*, Volume 4.
- GUARINO, L., V. RAMANATHA RAO & R. REID, 1995: *Collecting Plant Genetic Diversity - Technical Guidelines*, CAB International, UK.
- GUNTER, L. E., G. A. TUSKAN & S. D. WULLSCHLEGER, 1996: Diversity among populations of switchgrass based on RAPD markers. *Crop Science*, 36, 1017-1022.
- GUSTINE, D. L., R. T. SHERWOOD & D. R. HUFF, 1997: Apospory-linked molecular markers in buffelgrass. *Crop Science*, 37, 947-951.
- HADRYN, H., M. BALICK & B. SCHIERWATER, 1992: Application of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology*, 1, 55-63.

- HALWARD, T. M., H. T. STALKER, E. A. LARUE & G. KOCHERT, 1991: Genetic variation detectable with molecular markers among unadapted germ-plasm resources of cultivated peanut and related wild species. *Genome*, 34, 1013-1020.
- HE, Q., U. VILYANEN & J. MERTSOLA, 1994: Effects of thermocyclers and primers on the reproducibility of banding patterns in random amplified polymorphic DNA analysis. *Mol. Cell. Probes*, 8, 155-160.
- HILU, K. W., 1994: Evidence from RAPD markers in the evolution of *Echinochloa* millets. *Plant Syst. Evol.*, 189, 247-251.
- HINTUM VAN, T. J. L., 1995: Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants: In: [T. HODGKIN, A. H. D. BROWN, T. J. L. VAN HINTUM & E. A. V. MORALES (Eds.)] Core collections of plant genetic resources. IPGRI, Wiley-Sayce Publication.
- HOELZEL, A. R., 1990: The trouble with „PCR“ machines. *Trends Genet.*, 6, 237-238.
- HU, J. & C. F. QUIROS, 1991: Identification of broccoli and cauliflower cultivars with RAPD markers. *Plant Cell Rep.*, 10, 505-511.
- HUFF, D. R., R. PEAKALL & P. E. SMOUSE, 1993: RAPD variation within and among populations of outcrossing buffalograss [*Buchloë dactyloides* (Nutt.) Engelm.] *Theor. Appl. Genet.*, 86, 927-934.
- IBPGR, 1984: Forage and browse plants for arid and semi-arid Africa. IBPGR, Royal Botanic Gardens, Kew.
- IWANAGA, M., 1995: IPGRI strategy for in situ conservation of agricultural biodiversity. In: ENGELS, J.M.M. (ed.) In situ conservation and sustainable use of plant genetic resources for food and agriculture in developing countries. Report of a DSE / ATSAF / IPGRI workshop in Bonn, 2 - 4.5.1995.
- KAZAN, K. J., M. MANNERS & D. F. CAMERON, 1992: Genetic variation in agronomically important species of *Stylosanthes* determined using random amplified polymorphic DNA markers. *Theor. Appl. Genet.*, 83, 882-888.
- KELLER-GREIN, G., B. L. MAASS & J. HANSON, 1996: Natural variation in *Brachiaria* and existing germplasm collections. In: MILES, J. W., B. L. MAASS & C. B. DO VALLE, (eds.), *Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement*. CIAT Publication 259. Cali, Colombia.
- KLEIN-LANKHORST, R. M., A. VERMUNT, R. WEIDE, T. LIHARSKA & P. ZABEL, 1991: Isolation of molecular markers for tomato (*L. esculentum*) using random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Theor. Appl. Genet.*, 83, 108-114.
- KÖHLER, H. 1997: Molekularbiologische Charakterisierung von interspezifischen Hybriden der Gattung *Helianthus* und Prüfung auf Resistenz gegen die *Sclerotinia*-Welke und Korbfaule der Sonnenblume. Dissertation, Justus-Liebig-Universität Giessen.
- KÖHLER, W., J. PONS & A. LANGSDORF, 1998: Biometrische Methoden zur Beschreibung der genetischen Diversität. F. Begemann (Hrsg.) Züchterische Nutzung

- pflanzengenetischer Ressourcen – Ergebnisse und Forschungsbedarf, 29.9.–1.10.1997, Gatersleben. Schriften zu Genetischen Ressourcen 8, 93-109.
- KRAWCZAK, M. & J. SCHMIDTKE, 1994: DNA-Fingerprinting. Labor im Fokus. Spektrum Akademischer Verlag GmbH, Heidelberg.
- KRINGS, T. 1982: Sahel: Senegal, Mauretanien, Mali, Niger. DuMont Buchverlag, Köln.
- KUSSEROW, H., 1992: Quantifizierung der Bedeutung von Vegetationsänderungen für die Verdunstung in semiariden Gebieten. DFG- Bericht, Berlin.
- KUSSEROW, H., 1994: Quantitative und qualitative Erfassung von Vegetationsveränderungen. Ein Beispiel aus dem Südsahel Malis. Die Erde, 125, 35-56.
- KUSSEROW, H., 1997: Patterns of genetic diversity in wild forage species and in situ conservation in the Sahel. Final report. Freie Universität, Berlin.
- KUSSEROW, H. & H. HAENISCH, 1998: Monitoring the dynamics of the tiger bush (Brousse tigree) in the Westafrican Sahel (Niger) by a combination of LANDSAT MSS and TM, Spots, Areal- and Kite photograph. Photogrammetrie Fernerkundung Geoinformation (eingereicht).
- KUSSEROW, H. & A. OESTREICH, 1998: Rainfall development in the West African Sahel in this century – periodic oscillation or decline ? A case study of Niger. Zentralblatt für Geologie und Paläontologie. Teil I: Afrikas Klimageschichte unter geowissenschaftlichen Aspekten.
- KUSSEROW, H., A. LANGSDORF & H. SCHOLZ 1999a (in press): Genetische Ressourcen wildwachsender Futterpflanzen im westafrikanischen Sahel Vergleich taxonomischer und molekulargenetischer Untersuchungen am Beispiel der Gattung *Urochloa*.
- KUSSEROW, H., A. LANGSDORF & H. SCHOLZ 1999b (in press): Problems in *Urochloa* taxonomy – case studies in the Sahelian zone of Westafrica.
- LEBRUN, J.-P., J. AUDRU, A. GASTON & M. MOSNIER, 1972: Catalogue des Plantes vasculaires du Tchad meridional. Inst. Elevage Med. Veterin. Pays Tropic., Etude Bot. 1. Maisons-Alfort-Fort-Lamy.
- LE HOUËROU, H. N., 1980: Phytoecological surveys for land use planning and agricultural development. In: LUND, H. G. & M. C. DELOYA & R. S. DRISCOLL & W. G. BONNER R. E. HAMRE (eds). Arid land resource inventories, La Paz, 154-158.
- LE HOUËROU, H. N., 1986: La variabilité de la pluviosité annuelle dans quelques régions arides du monde; ses conséquences écologiques. CR Coll Sahel/Nordeste Brésilien, Inst. Htes Et. Amèr. Latine, v Univ Paris III, Paris.
- LE HOUËROU, H. N., 1989: The Grazing Land Ecosystems of the African Sahel. Ecological Studies 75. Springer, Berlin.
- LEISINGER, K. M. 1992: Überleben im Sahel. Birkhäuser Verlag, Berlin.

- LINZ, U. 1990: Thermocycler temperature variation invalidates PCR results. *BioTechniques*, 9, 286-294.
- LUBBERS, E.L., L. ARTHUR & W. W. HANNA, 1994: Molecular markers shared by diverse apomictic *Pennisetum* species. *Theor. Appl. Genet.*, 89, 636-642.
- LYNCH, M. & B. G. MILLIGAN, 1994: Analysis of population genetic structure with RAPD markers. *Molecular Ecology*, 3, 91-99.
- M'RIBUH, K. H. & HILU K. W., 1994: Detection of interspecific and intraspecific variation in *Panicum* millets through random amplified polymorphic DNA. *Theor. Appl. Genet.*, 88, 412-416.
- MABBUTT, J. A., 1984: A new global assessment of the status and trends of desertification. *Environmental Conservation*, 11, 100-113.
- MACPHERSON, J. M., P. E. ECKSTEIN, G. J. SCOLES & A. A. GAJADHAR, 1993: Variability of the random amplified polymorphic DNA assay among thermal cyclers, and effects of primer and DNA concentration. *Mol. Cell. Probes*, 7, 293-299.
- MC CUSKER, A. & J. TOLL, 1991: Ecogeographical survey of African species. In: ATTERE, F., H. ZEDAN, N. G. NQ & P. PERRINO. *Crop Genetic Resources of Africa*, Volume 1, 121-132.
- MENSCHING, H. G., 1974: Die Sahelzone Afrikas: Ursachen und Konsequenzen der Dürrekatastrophe. *Afrika-Spektrum* 9, Hamburg, 241-259.
- MENSCHING, H. G., 1990: Desertifikation. Ein weltweites Problem der ökologischen Verwüstung in den Trockengebieten der Erde. *Wissenschaftliche Buchhandlung*, Darmstadt.
- MEUNIER, J. R. & P. A. D. GRIMONT, 1993: Factors effecting reproducibility of random amplified polymorphic DNA fingerprinting. *Res. Microbiol.*, 144, 373-379.
- MILES, J. W., B. L. MAASS & C. B. DO VALLE, 1996: *Brachiaria*: Biology, Agronomy, and Improvement. CIAT Publication 259. Cali, Colombia.
- MORRONE, O. & F.O. ZULOAGA, 1992: Revisión de las especies sudamericanas nativas e introducidas de los géneros *Brachiaria* y *Urochloa* (*Poaceae*: *Panicoideae*: *Paniceae*). *Darwiniana* 31, (1-4), 43-109.
- MÖSGES, G. & W. FRIEDT, 1994: Genetic "fingerprinting" of sunflower lines and F₁ hybrids using isozymes, simple and repetitive sequences as hybridization probes, and random primers for PCR. *Plant Breeding*, 113, 114-124.
- MULLIS, K., F. FALOONA, S. SCHARF, R. SAIKI, G. HORN & H. ERLICH, 1986: Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The Polymerase Chain Reaction. *Cold Spring Harbour Symposia on Quantitative Biology*, Volume 51, Cold Spring Harbour Laboratory.
- NDAMBUKI, B.M. 1991: In situ conservation and monitoring of rangeland genetic resources. In: ATTERE, F. et al. (eds.): *Crop genetic resources of Africa*: 177-184. Rome: IBPGR; Nairobi: UNEP; Ibadan: ITTA; Rome: CNR.

- NEI, M. & W. H. LI, 1979: Mathematical model für studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 76, 5269-5273.
- OROZCO-CASTILLO, C., K. J. CHALMERS, R. WAUGH & W. POWELL, 1994: Detection of genetic diversity and selective gene intogression in coffee using RAPD markers. Theor. Appl. Genet., 87, 934-940.
- ORDON, F., A. SCHIEMANN, K. SCHEURER, B. PELLIO, V. DAUCK, E. BAUER, J. WEYEN, W. FRIEDT & A. GRANER, 1998. Einsatz molekularer Marker in der Virusresistenzzüchtung bei der Gerste. Vortr. Pflanzenzüchtung. 43, 49-62.
- PEAKALL, R., P. E. SMOUSE & D. R. HUFF, 1995: Evolutionary implications of allozyme and RAPD variation in diploid populations of dioecious buffalograss *Buchloë dactyloides*. Molecular Ecology, 4, 135-147.
- PENNER, G. A., A. BUSH, R. WISE, W. KIM, L. DOMIER, K. KASHA, A. LAROCHA, G. SCOLES, S. J. MOLNAR & G. FEDAK, 1993: Reproducibility of randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis among laboratories. PCR Meth. Appl., 2, 341-345.
- PEYRE DE FABREGUES, B. & J.-P. LEBRUN, 1976: Catalogue des Plantes vasculaires du Niger. Inst. Elevage Med. Veterin. Pays Tropic., Etude Bot. 3. Maisons-Alfort-Fort-Lamy.
- PESSINO, S. C., J. P. A. ORTIZ, O. LEBLANC, C. B. VALLE & C. EVANS & M. D. HAYWARD, 1997: Identification of a maize linkage group related to apomixis in *Brachiaria*. Theor. Appl. Genet., 94, 439-444.
- PHILLIPS, S., 1995: *Poaceae (Gramineae)*. In: HEDBERG, I. & S. EDWARDS (EDS.). Flora of Ethiopia and Eritrea 7. Addis Ababa – Uppsala.
- PILGER, R., 1940: *Panicoideae*: In: ENGLER, A. (ed.) Die natürlichen Pflanzenfamilien, Volume 14 e.
- PONS, J., H. BALTZER, A. LANGSDORF & W. KÖHLER, 1998: Population Genetics: Genetic Analysis and Modelling of Natural Populations. In: BEHNKE, H.-D., ESSER, K., KADEREIT J.W., LÜTTGE U. & RUNGE M. (eds.): Progress in Botany 59, Springer, Berlin, 194-226.
- RATNAPARKHE, M. B., V. S. GUPTA, M. R. VEN MURTHY & P. K. RANJEKAR, 1995: Genetic fingerprinting of pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.] and its wild relatives using RAPD markers. Theor. Appl. Genet., 91, 893-898.
- RENVOIZE, S. A., W. D. CLAYTON & C. H. S. KABUYE, 1996: Morphology, taxonomy, and natural distribution of *Brachiaria* (Trinius) Griseberg. In: MILES, J. W., B. L. MAASS & C. B. DO VALLE, (eds.), *Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement*. CIAT Publication 259. Cali, Colombia.
- ROLFS, A., I. SCHULLER, U. FINCKH & I. WEBER-ROLFS, 1992: PCR: Clinical Diagnostics and Research, Springer Verlag, Berlin.

- SAIKI, R. K., D. H. GELFAND, S. STOFFEL, S. J. SCHARF, R. HIGUCHI, G. T. HORN, K. B. MULLIS & H. A. ERLICH, 1988: Primer directed enzymatic amplification of DNA with thermostable DNA polymerase. *Science*, 239, 487-491.
- SCANALYTICS, 1994: RFLPscan. 40 Linnell Circle, Billerica, MA 01821, USA.
- SCHEFFER, F. & P. SCHACHTSCHABEL, 1992: Lehrbuch der Bodenkunde. Enke-Verlag, Stuttgart.
- SCHIEMANN, A., B. PELLIO, V. DAUCK, A. GRANER, W. FRIEDT & F. ORDON, 1998. PCR-basierte Markersysteme und deren Anwendung in der Züchtung auf Gelbmosaikvirusresistenz bei der Gerste. *Vortr. Pflanzenzüchtung*. 42, 52-54.
- SHAH, F. H., O. RASHID, A. J. SIMONS & A. DUNSDON, 1994: The utility of RAPD markers for the detection of genetic variation in oil palm (*Elaeis guineensis*). *Theor. Appl. Genet.*, 89, 713-718.
- SHARMA, S. K., I. K. DAWSON & R. WAUGH, 1995: Relationships among cultivated and wild lentils revealed by RAPD analysis. *Theor. Appl. Genet.*, 91, 647-654.
- SHELTON, H. M., L. R. HUMPHREYS & C. BATELLO, 1987: Pastures in the plantations of Asia and the Pacific: performance and prospects. *Trop. Grassl.*, 21, 159-168.
- SNEATH, P. H. A. & R. R. SOKAL, 1973: Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco.
- SNOWDON R.J. & A. LANGSDORF, 1998: An introduction to DNA fingerprinting using RFLP and RAPD techniques. – In: TIETZ, D. (ed.) *Nucleic Acid Electrophoresis*, Springer, New York, 99-128.
- SPERLICH, D., 1988: Populationsgenetik, 2. Auflage, Fischer, Stuttgart.
- STAPF, O., 1919: *Gramineae, Maydeae- Paniceae*. In: PRAIN, D. (ed.). *Flora of tropical Africa*, Vol. 9, Reeve and Co., Ashford, Kent, UK.
- SWATSCHEK, I., 1992: *Bioforum*, 5, 147-152.
- TAO, Y., J. M. MANNERS, M. M. LUDLOW & R. G. HENZEL, 1993: DNA polymorphisms in grain sorghum [*Sorghum bicolor* (L.)], *Theor. Appl. Genet.*, 86, 679-688.
- TAUPIN, J. D., 1997: Caractérisation de la variabilité spatiale des pluies aux échelles inférieures au kilomètre en région semi-aride (région de Niamey, Niger). *Académie des sciences*. Elsevier, Paris. 251-256.
- TINGEY, S. V., J. A. RAFALSKI & J. G. K. WILLIAMS, 1992: Genetic analysis with RAPD markers. In: *Application of RAPD technology to plant breeding*. Proceedings Joint Plant Breeding Symposia Series, Nov. 1992, Crop Science Society of America, 3-8.
- TOHME, J., N. PALACIOS, S. LENIS & W. ROCA, 1996: Applications of biotechnology to *Brachiaria*. In: MILES, J. W., B. L. MAASS & C. B. DO VALLE, 1996 (eds.), *Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement*. CIAT Publication 259. Cali, Colombia.

- TOSTAIN, S., M. RIANDEY & F. MARCHAIS, 1987: Enzyme diversity in pearl millet (*Pennisetum glaucum*) 1. West Africa. *Theor. Appl. Genet.*, 74,188-193.
- TRINIUS, C. B., 1834: *Panicearum genera*. *Mem. Acad. Sci. Petersburg Serie 6*, 3,194.
- VALERIO, J. R., S. L. LAPOINTE, S. D. FERNANDES & F. J. MORALES, 1996: Pests and Diseases of *Brachiaria* Species. In: MILES, J. W., B. L. MAASS & C. B. DO VALLE, (eds.), *Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement*. CIAT Publication 259. Cali, Colombia.
- VELDKAMP, J. F., 1996: *Brachiaria, Urochloa (Gramineae-Paniceae)* in Malesia. *Blumea* 41, 431-437.
- WEBSTER, R. D., 1987: *The Australian Paniceae (Poaceae)*. J. Cramer, Berlin and Stuttgart, Germany, 228-255.
- WELSH, J. & M. MC CLELLAND, 1990: Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucl. Acids Res.*, 18, 7213-7218.
- WELSH, J., R. J. HONEYCUTT, M. MCCLELLAND & B. W. S. SOBRAL, 1991: Parentage determination in maize hybrids using the arbitrarily primed polymerase chain reaction (AP-PCR). *Theor. Appl. Genet.*, 82, 473-476.
- WHITE, F., 1993: *The Vegetation of Africa*. *Nat. Res. XX*, UNESCO, Paris.
- WILLIAMS, J. G. K., M. K. KUBELIK, K. J. LIVAK, J. A. RAFALSKI & S. V. TINGEY, 1990: DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.*, 18, 6531-6535.
- WILLIAMS, J. G. K., M. K. HANAFEY, J. A. RAFALSKI & S. V. TINGEY, 1993: Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. *Methods Enzymol.*, 218, 704-740.
- WINK, M. & H. WEHRLE, 1994: *PCR im medizinischen und biologischen Labor*. GIT Verlag, Darmstadt.
- WYNNE, L.R., H. D. LOXDALE & C. P. BROOKED, 1991: Use of a cellulose acetate system for allozyme electrophoresis. In: BERRY, R. J. & T. J. CRAWFORD & G. M. HEWITT (EDS.) *Genes in Ecology (the 33rd Symposium of the British ecological society, university of east Anglia*, 494-499.
- YANG, X. & C. QUIROS, 1993: Identification and classification of celery cultivars with RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.*, 86, 205-212.
- YU, K. & K. P. PAULS, 1993: Rapid estimation of genetic relatedness among heterogenous populations of alfalfa by random amplification of bulked genomic DNA samples. *Theor. Appl. Genet.*, 86, 788-794.
- ZHANG, X. Y. & K. L. TAO, 1989: Silica gel drying for germplasm conservation – practical guidelines. *FAO/IBPGR Plant Genetic Resources Newsletter*, 75/76,1-5.

Abbildungsverzeichnis

<u>Abb. 1:</u> Die Sahelzone in Afrika.....	9
<u>Abb. 2:</u> Die klimatische Entwicklung der Sahara und Sahelzone seit 18000 Jahren.....	10
<u>Abb. 3:</u> Abweichung der Niederschläge vom langjährigen Mittel für den Sahel seit 1900.....	11
<u>Abb. 4:</u> Ökoklimatische Zonen der Sahelzone.....	13
<u>Abb. 5:</u> Niederschlagsdaten aus Niamey-City der letzten 90 Jahre (1905-1995)	14
<u>Abb. 6:</u> Vergleich der Isohyeten der Periode 1950-1990 und 1981-1995.....	15
<u>Abb. 7:</u> Folgen der Bodenerosion in der Region Tahoua (September 1994).....	20
<u>Abb. 8:</u> Bodenerosion in der Nähe von Tillaberi (September 1994)	20
<u>Abb. 9:</u> Lage der Standorte <i>T1-T4</i> , <i>H1-H6</i> und <i>ICRISAT</i> südlich von Niamey.....	22
<u>Abb. 10:</u> Geographische Lage der 34 Teststandorte in Niger, Burkina Faso und Mali	23
<u>Abb. 11:</u> Standort <i>T1</i> , in der Brousse tigrèè, 45 km südlich von Niamey	32
<u>Abb. 12:</u> Standort <i>H2</i> , Testfläche am Pistenrand, 50 km südwestlich von Niamey	32
<u>Abb. 13:</u> Standort <i>Zinder</i> , Testfläche am Straßenrand.....	33
<u>Abb. 14:</u> Standort <i>Gourè</i> , Testfläche am Straßenrand	33
<u>Abb. 15:</u> Einfluß unterschiedlicher Reaktionsparameter auf das RAPD-Bandenmuster.....	41
<u>Abb. 16:</u> RAPD-Bandenmuster bei <i>Zornia</i> , DNA-Polymerasen verschiedener Hersteller.	41
<u>Abb. 17:</u> RFLPscan Software zur Auswertung der RAPD-Daten.	44
<u>Abb. 18:</u> RAPD-Bandenmuster mit 20 verschiedenen Primern (Testset A).....	51
<u>Abb. 19:</u> Histogramm der Fragmentgrößen aus 250 RAPD-Markern.	53
<u>Abb. 20:</u> UPGMA-Dendrogramm mit 34 <i>Brachiaria</i> -Individuen (Primer A-01 und Y-20). ...	56
<u>Abb. 21:</u> RAPD-Bandenmuster der 34 getesteten <i>Brachiaria</i> -Proben mit Primer A-01.....	56
<u>Abb. 22:</u> UPGMA-Dendrogramm mit 309 <i>Brachiaria</i> -Individuen (vereinfacht dargestellt)...	57
<u>Abb. 23:</u> 3D-Blot der Eigenvektoren aus der Hauptkoordinatenanalyse.	59
<u>Abb. 24:</u> <i>Brachiaria xantholeuca</i> . Habitus mit reifen Samen	61

<u>Abb. 25:</u> <i>Brachiaria xantholeuca</i> . Habitus vor der Samenreife	61
<u>Abb. 26:</u> Standortspezifische RAPD-Marker in <i>Sevarè</i>	63
<u>Abb. 27:</u> Standortspezifische RAPD-Marker in <i>Diffa-II</i>	63
<u>Abb. 28:</u> Standortspezifische RAPD-Marker in <i>Ouahigouya</i>	64
<u>Abb. 29:</u> Standortspezifische RAPD-Marker in <i>Maradi</i> 1994	64
<u>Abb. 30:</u> Standortspezifische RAPD-Marker in <i>Maradi</i> 1994	65
<u>Abb. 31:</u> Ergebnis einer Diskriminanzanalyse der 14 Standorte aus <i>B. xantholeuca</i>	69
<u>Abb. 32:</u> UPGMA-Dendrogramm von Standort <i>H4</i>	72
<u>Abb. 33:</u> UPGMA-Dendrogramm von Standort <i>H5</i>	73
<u>Abb. 34:</u> UPGMA-Dendrogramm von Standort <i>H10</i>	74
<u>Abb. 35:</u> UPGMA-Dendrogramm von Standort <i>Maradi</i>	75
<u>Abb. 36:</u> Ergebnisse der Diskriminanzanalyse der Standorte <i>H1,H2,H4, H5</i> und <i>H10-H13</i> . ..	78
<u>Abb. 37:</u> UPGMA-Dendrogramm von <i>B. nidulans</i>	82
<u>Abb. 38:</u> Hauptkoordinatenanalyse der 81 Individuen von <i>B. nidulans</i>	83
<u>Abb. 39:</u> UPGMA-Dendrogramm mit 30 Individuen von <i>B. orthostachys</i>	88
<u>Abb. 40:</u> Hauptkoordinatenanalyse von <i>Brachiaria orthostachys</i>	89
<u>Abb. 41:</u> Diskriminanzanalyse bei <i>B. nidulans</i> , <i>B. orthostachys</i> und Standort <i>Diffa-I</i>	90
<u>Abb. 42:</u> UPGMA-Dendrogramm von <i>B. ramosa</i>	94
<u>Abb. 43:</u> UPGMA-Dendrogramm von 4 Individuen aus <i>B. lata</i>	96
<u>Abb. 44:</u> <i>Zornia glochidiata</i> (Habitus, ICRISAT-Gelände)	98
<u>Abb. 45:</u> <i>Zornia glochidiata</i> (Habitus, Standort <i>T4</i>)	98
<u>Abb. 46:</u> UPGMA-Dendrogramm von <i>Zornia glochidiata</i>	100
<u>Abb. 47:</u> UPGMA-Dendrogramm des Standortes <i>T1</i> bei <i>Z. glochidiata</i>	101
<u>Abb. 48:</u> UPGMA-Dendrogramm des Standortes <i>T3</i> bei <i>Z. glochidiata</i>	103

Tabellenverzeichnis

<u>Tab. 1:</u> Niederschlagsvariabilität in Niamey in den Jahren 1993–1995.	14
<u>Tab. 2:</u> Beschreibung der 34 Teststandorte in Niger, Mali und Burkina Faso.....	24
<u>Tab. 3:</u> 309 <i>Brachiaria</i> -Individuen aus 25 Standorten in Niger, Mali und Burkina Faso.	52
<u>Tab. 4:</u> 10 ausgewählte Primer für die RAPD-Analyse bei <i>Brachiaria</i>	53
<u>Tab. 5:</u> Vergleich der morphologischen und molekulargenetischen Analyse.....	55
<u>Tab. 6:</u> Mittlere Dice-Indices der fünf <i>Brachiaria</i> -Arten	58
<u>Tab. 7:</u> 188 <i>B. xantholeuca</i> Individuen aus 14 Standorten	60
<u>Tab. 8:</u> Polymorphe und monomorphe RAPD-Marker bei <i>B. xantholeuca</i>	62
<u>Tab. 9:</u> Standortspezifische RAPD-Marker an drei Standorten von <i>B. xantholeuca</i>	62
<u>Tab. 10:</u> Ergebnisse der Clusteranalyse bei <i>B. xantholeuca</i>	67
<u>Tab. 11:</u> Mittlere Dice-Indices für 14 Standorte bei <i>Brachiaria xantholeuca</i>	68
<u>Tab. 12:</u> Ergebnisse der Varianzanalyse bei <i>B. xantholeuca</i>	70
<u>Tab. 13:</u> Varianzanalyse der Standorte <i>H4, H5, H10</i> und <i>Maradi</i> für <i>B. xantholeuca</i>	76
<u>Tab. 14:</u> Ergebnisse der Diskriminanzanalyse der Standorte <i>H1-H4, H5</i> und <i>H10-H13</i>	77
<u>Tab. 15:</u> Standorte und Probenauswahl von <i>B. nidulans</i>	79
<u>Tab. 16:</u> Anteil polymorpher und monomorpher RAPD-Marker bei <i>B. nidulans</i>	80
<u>Tab. 17:</u> Standortspezifische RAPD-Marker bei <i>B. nidulans</i>	80
<u>Tab. 18:</u> Ergebnisse der Varianzanalyse bei <i>B. nidulans</i>	85
<u>Tab. 19:</u> Standorte und Probenauswahl von <i>B. orthostachys</i>	86
<u>Tab. 20:</u> Polymorphe und monomorphe RAPD-Marker bei <i>B. orthostachys</i>	87
<u>Tab. 21:</u> Standortspezifische RAPD-Marker bei <i>Brachiaria orthostachys</i>	87
<u>Tab. 22:</u> Ergebnisse der Varianzanalyse bei <i>B. orthostachys</i>	92
<u>Tab. 23:</u> Standort und Probenauswahl von <i>B. ramosa</i>	93
<u>Tab. 24:</u> Polymorphe und monomorphe RAPD-Marker bei <i>B. ramosa</i>	93

<u>Tab. 25:</u> Artspezifische RAPD-Marker bei <i>B. ramosa</i>	94
<u>Tab. 26:</u> Standort und Probenauswahl von <i>Brachiaria lata</i>	95
<u>Tab. 27:</u> Polymorphe und monomorphe RAPD-Marker bei <i>B. lata</i>	95
<u>Tab. 28:</u> Artspezifische RAPD-Marker bei <i>Brachiaria lata</i>	95
<u>Tab. 29:</u> Auswahl der Standorte und Pflanzenproben von <i>Zornia glochidiata</i>	97
Tab. 30: Auswahl sechs polymorpher Primer für die RAPD-Analyse bei <i>Z. glochidiata</i>	99
<u>Tab. 31:</u> Spezifische RAPD-Marker bei <i>Zornia glochidiata</i>	99
<u>Tab. 32:</u> Ergebnisse der Varianzanalyse des Standortes <i>T1</i> bei <i>Z. glochidiata</i>	102
<u>Tab. 33:</u> Ergebnisse der Varianzanalyse des Standortes <i>T3</i> bei <i>Z. glochidiata</i>	103

Abkürzungsverzeichnis

A	Adenin
AMOVA	analysis of molecular variance
bp	Basenpaar(e)
C	Cytosin
CIAT	Centro Internacional de Agricultura Tropical
CTAB	Cethyltrimethylammoniumbromid
DNA	Desoxyribonucleic Acid (Desoxyribonukleinsäure)
dNTP`s	äquimolare Mischung der 2'-Desoxyribonucleosidtriphosphate dATP, dGTP, dCTP, dTTP
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
FAO	Food and Agriculture Organisation of the United Nations
g	Gramm
G	Guanin
GTZ	Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit
h	Stunde
HCl	Salzsäure
IBPGR	International Board for Plant Genetic Resources, jetzt IPGRI
ICRISAT	International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics
IPGRI	International Plant Genetic Resources Institute
kb	Kilobasenpaar(e)
M	molar
mg	Milligramm
MgCl ₂	Magnesiumchlorid
min	Minute
ml	Milliliter
mM	millimolar
NaCl	Natriumchlorid
nm	Nanometer
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerase Kettenreaktion)
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism (Restriktion-Fragment-Längen-Polymorphismus)
RNAase A	Ribonuklease A
SDS	Sodiumdodecylsulfat
T	Thymin
Taq	<i>Thermophilus aquaticus</i>
TE	Tris-EDTA
Tris	Tris-(hydroxymethyl-)aminomethan
U	Unit (Einheit)
UPGMA	Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic averages
UV	ultraviolettes Licht
Vol.	Volumen
µg	Mikrogramm
µl	Mikroliter

Chemikalienverzeichnis

CTAB-Extraktionspuffer (DOYLE & DOYLE, 1990)

2	%	CTAB
1.4	M	NaCl
20	mM	EDTA
100	mM	Tris HCl pH 8.0
0.2	%	2-Mercaptoethanol

Ansatz:

4	g	CTAB
16.36	g	NaCl,
1.49	g	EDTA
20	ml	Tris / HCl
0.4	ml	2-Mercaptoethanol

mit Bidest auf 200 ml auffüllen

SDS-Extraktionspuffer (EDWARDS, 1991)

0.2	M	Tris / HCl pH 7.4
0.25	M	NaCl
25	mM	EDTA pH 8.0
0.5	%	SDS

Ansatz:

10	ml	1M Tris / HCl pH 7.4
2.5	ml	5M NaCl
2.5	ml	SDS 10 %
2.5	ml	0.5 M EDTA pH 8.0
32.5	ml	Bidest

λ -Marker (DNA-Konzentration)

375 ng / μ l stock solution

Ansatz:

10	μ l	λ - Marker
75	μ l	Dye
290	μ l	Bidest

Einsatz: 1 μ l = 10 ng DNA

DNA-Längenstandard

50	μ l	DNA Ladder (BRL)
50	μ l	Dye
150	μ l	Bidest

Einsatz: 1 μ l pro Lane

dNTP-Mix

10	mM	dATP
10	mM	dCTP
10	mM	dGTP
10	mM	dTTP

Ansatz:

10	μ l	dATP
10	μ l	dCTP
10	μ l	dGTP
10	μ l	dTTP
460	μ l	Bidest

Dye DNA-Farbstoff (6 x)

0.25	%	Xylencyanol
0.25	%	Bromphenolblau
30	%	Glycerol

Ansatz:

0.25	g	Xylencyanol
0.25	g	Bromphenolblau
30	ml	Glycerol
70	ml	Bidest

TAE-Puffer (50 x)

2	M	Trisacetat
0.05	M	EDTA

Ansatz:

242	g	Tris
1	ml	Essigsäure
18.6	g	EDTA
mit Bidest auf 1 Liter auffüllen		

PCR-Puffer

10 mM Tris / HCl pH 9.0
 50 mM KCl
 2.5 mM MgCl₂
 0.1 % Triton X-100

Ansatz:

100 µl Tris / HCl 100 mM
 100 µl KCl 500 mM
 50 µl MgCl₂ 50 mM
 1 µl Triton X-100
 749 µl Bidest

TE-Puffer

10 mM Tris / HCl pH 8.0
 1 mM EDTA pH 8.0

Ansatz:

0.242 g Tris
 0.074 g EDTA
 mit Bidest auf 200 ml auffüllen, mit HCl
 einen pH 8.0 einstellen

Primer

Einsatz: 1µl (5 pmol) pro Ansatz

Proteinase K

10 mg / ml Bidest
 Konzentration: 10 µg/ml bei 37-56°C.

RNase (Ribonuclease A)

10 mg / ml in 10 mM Tris / HCl
 pH 7.5 und 15 mM NaCl

Ansatz:

10 mg RNase A
 10 µl Tris 1M
 15 µl NaCl 1M
 965 µl Bidest
 15 min bei 100 °C im Wasserbad erhitzen
 und dann langsam abkühlen

TBE-Puffer (10x)

0.9 M Trisborat
 0.02 M EDTA

Ansatz:

108 g Tris
 55 g Borsäure
 7.44 g EDTA
 mit Bidest auf 1 Liter auffüllen