

2 Literatur

2.1 Abstammung und Systematik

Weidelgräser (*Lolium* spp.) gehören zur Familie der Poaceae, Subfamilie Pooideae, Tribus Poeae (www.csdl.tamu.edu/FLORA/taes/tracy/610/lolium.html), den echten Gräsern. An ihren natürlichen Standorten sind sie diploid mit $2n=2x=14$ Chromosomen. Zusätzlich können bis zu 8 B-Chromosomen auftreten (Hovin und Hill 1966). Weidelgräser (*Lolium* spp.) sind die wichtigsten Futtergräser der gemäßigten Zonen. Es werden 40 Arten unterschieden, die sich aufteilen lassen in selbstbefruchtende und fremdbefruchtende Arten. Zu den Fremdbefruchtern gehören *L. perenne* L. (Deutsches Weidelgras), *L. multiflorum* Lam. (Welsches Weidelgras) und *L. rigidum* Gaud. (Steifer Lolch) (Terrell 1968). Einjähriges Weidelgras (*L. multiflorum* Lam. ssp. *gaudini* [Parl.] Schinz et Kell.) wird als Unterart des Welschen Weidelgrases und Bastardweidelgras (*L. hybridum* Hausskn.) als Kreuzungsprodukt von Deutschem und Welschem Weidelgras betrachtet. Selbstbefruchtend sind *L. temulentum* L. (Täumel-Lolch) und *L. remotum* Schrank. (Lein-Lolch). Sie sind als Kreuzungspartner für die Gräserzüchtung von Interesse, weil sie als Ressource für Selbstkompatibilitätsgene dienen. Thorogood und Hayward (1992) stellten erfolgreich selbstkompatible Formen über Rückkreuzung mit diesen Arten her. Die fremdbefruchtenden Arten *L. perenne*, *L. multiflorum* und *L. rigidum* sind interfertil (Naylor 1960, Jauhar 1993) und einige Autoren betrachten sie deshalb als eine Art (Bulinska-Radomska und Lester 1985). Anhand einzelner morphologischer Merkmale können die Arten nicht unterschieden werden. Auch die Karyogramme des Deutschen und des Welschen Weidelgrases unterscheiden sich nicht (Thomas 1981). Die Chromosomenpaarung ihrer diploiden Bastarde ist vollständig und ein Genaustausch und Gentransfer uneingeschränkt möglich. Chromosomenmorphologisch lässt sich das selbstbefruchtende *L. temulentum* vom fremdbefruchtenden *L. perenne* unterscheiden: *L. temulentum* hat einen 35% höheren DNA-Gehalt im Kern als *L. perenne* (Naylor und Rees 1958). Anhand der Größe des Genoms sind die Weidelgräserarten unterscheidbar. So beträgt der haploide Chromosomensatz des Welschen Weidelgrases 4×10^9 Basenpaare (bp) und der des Deutschen Weidelgrases 5×10^9 bp (<http://www.rbgekew.org.uk/cval/searchguide.html>).

Zwischen Deutschem Weidelgras und Wiesenschwingel (*Festuca pratensis* Huds.) treten häufig Hybridisierungen auf. Natürliche diploide Gattungsbastarde sind fast immer in der F_1 steril (Jenkin 1959). King et al. (1998), Canter et al. (1999) und Armstead et al. (2001) gelang

es Chromosomensegmente von *F. pratensis* nach *L. perenne* zu übertragen und euploide Nachkommen zu erzeugen. Oertel und Matzk (1999) integrierten erfolgreich Kronenrostresistenz (*Puccinia coronata*) aus *Festuca* ssp. in *L. multiflorum*.

Über die phylogenetischen Abstammungsverhältnisse der Weidelgräser, die sehr eng mit der Gattung *Festuca* verwandt sind, herrschte lange Zeit Uneinigkeit. Malik und Thomas (1966) argumentierten, dass *Lolium* evolutionsgeschichtlich jünger ist als *Festuca*, weil seine Verbreitungsgebiete enger sind und keine natürliche Polyploidie in *Lolium* gefunden wurde. Clayton und Renvoize (1986) betrachteten *Festuca* und *Lolium* aufgrund von blütenmorphologischen Studien als unterschiedliche Genera. Naylor (1960) sowie Bulinska-Radomska und Lester (1985) waren aufgrund von zytologischen und morphologischen Daten sowie der Fertilität der Meinung, dass *Lolium* eine monophyletische Untergruppe innerhalb *Festuca* darstellt. Mit Analysen von Samenproteinen (Bulinska-Radomska und Lester 1985), Isoenzymen (Emoto 1985, Charmet und Balfourier 1994, Loos 1993, Bennet et al. 2000), RAPDs (random amplified polymorphic DNAs; Stammers et al. 1995) und RFLPs (restriction fragment length polymorphisms; Xu und Sleper 1994, Charmet et al. 1997, Balfourier et al. 1998, Gaut et al. 2000) wurden die phylogenetischen Verwandtschaftsverhältnisse des *Festuca-Lolium* Komplexes näher beleuchtet. Alle diese Studien unterstützen die Annahme, dass die Gattung *Lolium* eine Untergruppe innerhalb der Gattung *Festuca* darstellt und eine besondere Affinität zu der *Festuca*-Sektion *Bovinae* besitzt. Charmet et al. (2000) führten RFLPs mit der mütterlich vererbten Chloroplasten-DNA durch und versuchten die Kolonisationswege der Gattung *Lolium* zurückzuverfolgen sowie phylogenetische Abstammungen zu rekonstruieren. Es bestätigten sich die Ergebnisse von Charmet und Balfourier (1994) und Charmet et al. (1997), dass die selbstbefruchtenden Arten sich vor den fremdbefruchtenden Arten von einer Stammform differenziert haben und dass *L. rigidum* mit großer Wahrscheinlichkeit der Stammvater der Gattung *Lolium* ist, zumindest für die fremdbefruchtenden Arten. Besonders *L. multiflorum* scheint vor nicht allzu langer Zeit aus *L. rigidum* hervorgegangen zu sein (Bulinska-Radomska und Lester 1985, Charmet et al. 1997). Für die geographischen Unterschiede innerhalb von *L. perenne* wird ein Flaschenhals von *L. rigidum* Populationen angenommen, der im Mittleren Osten vor einigen tausend Jahren aufgetreten ist. Zwei Szenarien der Ausbreitung der Gattung *Lolium* sind denkbar: einerseits könnte eine Kolonialisierung vor der letzten Eiszeit Europas vom Mittleren Osten aus erfolgt sein, wobei die Eiszeit zu einem Aussterben von *L. perenne* im nördlichen und zentralen Europa führte. Die derzeitigen Verbreitungsgebiete müssten durch Rekolonialisierung aus Refugien erfolgt sein (Balfourier et al. 1998), wie dies auch bei europäischen Bäumen wie Rotbuche und Eiche

angenommen wird (Demesure et al. 1996, Dumolin-Lapegue et al. 1997). Da dieses Szenario nicht mit einem monophyletischen Ursprung von *L. perenne* übereinstimmt, wird andererseits von Charmet et al. (2000) favorisiert, dass die Verbreitung von *L. perenne* bis nach Europa parallel mit der menschlichen Migration während des Neolithikums vor 10000 Jahren vom Mittleren Osten über die Nord-Ost-Route (Danubische Bewegung), einer Süd-West-Route (mediterrane Bewegung) und einer Nordafrikanischen Route nach Marokko erfolgte, so dass der Fruchtbare Halbmond als Ursprungsort der Gattung *Lolium* angenommen werden kann. Dort sind heute noch die selbstbefruchtenden *Lolium*-Arten als Wildgräser zu finden.

2.2 Verbreitung und Nutzwert

Aufgrund ihrer hohen Verdaulichkeit bei gleichzeitig hohem Nährwert haben zwei Arten als Futtergräser in Ländern mit intensiver Viehhaltung eine besondere Bedeutung erlangt, nämlich das Deutsche Weidelgras (*L. perenne* L.) und das Welsche Weidelgras (*L. multiflorum* Lam.). Beide werden vor allem in Europa, Neuseeland, Australien und anderen gemäßigten Zonen der Welt angebaut. *L. perenne* ist das einzige mehrjährige Gras dieser Gattung, das auch in kühleren Regionen heimisch ist. Es macht häufig den größten Anteil in Dauerwiesen und mehrjährig genutzten Weiden aus. Schwachwachsende Formen werden als Rasengräser nachgefragt und haben die Futterformen in ihrer wirtschaftlichen Bedeutung übertroffen. Das Welsche Weidelgras ist ein- bis zweijährig. Seine Verbreitung ist ähnlich der des Deutschen Weidelgrases. Es erbringt aber eine bessere Leistung im mediterranen Klima und ist Bestandteil des ‚Landsberger Gemenges‘ zusammen mit Rotklee und Inkarnatklee. Beim Reinanbau sind hohe organische und mineralische Stickstoffgaben (80-100 kg N/ha) nötig. Bei optimaler Wasser- und Nährstoffversorgung sind 3-5 Schnitte im Jahr möglich (Nösberger und Opitz von Boberfeld 1986). Die Aussaat erfolgt im August/September und der erste Aufwuchs des Folgejahres ist im Mai silierreif. Zur Sicherung des Ertrages empfiehlt es sich, früh- und spätblühende und di- und tetraploide Sortenmischungen zu verwenden. Sehr gut geeignet ist das Welsche Weidelgras aufgrund seiner Wüchsigkeit für kurzfristige Feldgrasweiden, ungeeignet hingegen für Dauergrünlandausaaten und die Begrünung von Straßenrändern und Böschungen (Klapp und Opitz von Boberfeld 1990). Als einjährige Form, dem Westerwoldischem Weidelgras (*L. multiflorum* var. *westerwoldicum*), wird es im Zwischenfruchtanbau und als Unter- oder Stoppelsaat genutzt (Klapp und Opitz von Boberfeld 1990). *L. rigidum* ist ebenfalls einjährig und im südlichen Europa, im Mittelmeerraum und in Australien als Winterweide weit verbreitet.

2.3 Zuchtmethodik und Selektionserfolg

Bei den zugelassenen Sorten der Weidelgräser handelt es sich überwiegend um synthetische Sorten (Vogel und Pedersen 1993). Eine allgemein gültige Definition der synthetischen Sorten ist bis heute in der Literatur nicht vorhanden. Becker (1993) definiert eine synthetische Sorte folgendermaßen: ‚Eine synthetische Sorte entsteht durch offene Bestäubung oder gezielte Kreuzung einer eingeschränkten Anzahl von selektierten elterlichen Erbkomponenten und anschließender Vermehrung über einige Generationen offenes Abblühen‘. Die Züchtung synthetischer Sorten erfolgt nach Schnell (1982) in fünf Schritten:

1. Entwicklung potentieller Eltern
2. Selektion überlegener Eltern
3. Rekombination der besten Eltern (Syn-0)
4. weitere Vermehrung durch offenes Abblühen
5. Erhaltung der synthetischen Sorte.

Die zugelassenen synthetischen Sorten bestehen aus 4 bis 20 Komponenten (Van Bockstaele 1998). Aufgrund der leichten vegetativen Vermehrbarkeit werden als Eltern oft heterozygote Klone verwendet. Die optimale Anzahl an Komponenten ist materialabhängig, wobei von Vorteil ist, wenn möglichst viele Eltern in die synthetische Sorte eingegangen sind. Solche Sorten zeigen eine bessere Ertragssicherheit (Lowe et al. 1974) und führen zu geringeren Problemen hinsichtlich Homogenität und Beständigkeit (Scheller 1976). Bei ihnen kann notfalls ein Klon eher durch einen anderen ersetzt werden, ohne dass sich das Sortenbild wesentlich verändert (Becker 1982). Die erwartete Leistung einer synthetischen Sorte aus n Komponenten lässt sich anhand der Wright'schen-Formel (Wright 1922) berechnen:

$Y = F_1 - (F_1 - S_1) / n$. Dabei ist F_1 die mittlere Leistung aller Kreuzungen zwischen den beteiligten Komponenten und S_1 die mittlere Leistung aller Selbstungen der Komponenten. Bei homozygoten Komponenten entspricht S_1 ihrer Eigenleistung (Allard 1999).

Zwei methodische Wege beschreiten die Züchter für der Herstellung von neuen Weidelgrassorten: Die meisten Züchter selektieren phänotypisch charakterisierte Klone und testen die Nachkommen, die aus freier Abblüte zwischen nicht wiederholten Klonen oder Topcross- bzw. Polycross-Tests erhalten werden, individuell an einem Ort. Eine bestimmte Anzahl von überlegenen Klonen wird anschließend zu synthetischen Sorten zusammengestellt. Ein anderer Weg ist die Durchführung von Vollgeschwisterkreuzungen. Die Nachkommenschaften (F_1) werden einzeln in Isolierparzellen zur Gewinnung von F_2 -Saatgut angebaut.

Parallel zu den Isolierparzellen können Einzelpflanzen der F_1 auf spezielle Merkmals-eigenschaften wie auf Rostanfälligkeit geprüft werden. Das F_2 -Saatgut wird für die Leistungsprüfung und Beobachtungsversuche an mehreren Orten verwendet und überlegene Pärchenkreuzungen werden dann zu synthetischen Sorten zusammen gestellt (Reheul 2000).

Für die Schätzung des Zuchtwertes in Form der allgemeinen Kombinationseignung werden Halbgeschwisterfamilien, und zwar bevorzugt Nachkommenschaften von Genotypen aus der Massenselektion oder von Klonen aus Polycross- oder Topcross-Anlagen, geprüft. Beim Topcross-Test werden die Testkandidaten in gedrillten Bestäuberblöcken („Pollenüber-gewichtskreuzung“) reihenweise angebaut, das Saatgut von den Testkandidaten geerntet und die Nachkommen im folgenden Jahr geprüft. Der Polycross-Test wird u.a. bei Futterpflanzen wie Deutschem Weidelgras eingesetzt (Lütke Entrup 1982). Bei ihm werden in einem isolierten „Polycrossblock“ Komponenten mit jeweils 10-30 Pflanzen, von denen aber nie zwei Pflanzen einer Komponente nebeneinander stehen, durch offenes Abblühen miteinander rekombiniert. Jede Pflanze wird gekennzeichnet und einzeln geerntet. Die Samen von allen Pflanzen der gleichen Komponente dienen dann als Saatgut für die Prüfung. Topcross- und Polycross-Tests sind genetisch völlig identisch, wenn im Topcross-Test als Tester eine Mischung aller zu testenden Kandidaten verwendet wird (Allison und Curnow 1966). Der Unterschied zwischen Massenselektion und Polycross liegt in der relativ geringen Anzahl an Klonen im Polycross. Während vom Polycross große Mengen an Saatgut gewonnen werden und die Halbgeschwisternachkommen an vielen Orten geprüft werden können, ist bei der Massenselektion das Saatgutaufkommen der einzelnen Pflanzen gering und Nachkommen-schaftsprüfungen können häufig nur in kleinen Parzellen oder als Einzelpflanzen angebaut und geprüft werden (Aastveit und Aastveit 1990).

Die Schätzung des Selektionserfolges setzt Kenntnisse über die Größe und Zusammensetzung der genetischen Variation für unterschiedliche Zuchtziele und deren genetische Verwandtschaft voraus. Dieses lässt sich mit statistischen Parametern wie phänotypischer und genetischer Varianz, genetischen und umweltbedingten Korrelationen, Genotyp x Umwelt-Interaktionen und Selektionsintensität ausdrücken. Die Selektionsintensität ist bei der Massenselektion größer als bei Topcross oder Polycross, weil bei der Massenselektion einige Tausend Genotypen beurteilt werden und nur wenige Prozent davon selektiert werden. Bei den Topcrossen und Polycrossen hingegen können in den arbeitszeitaufwendigen Tests auf allgemeine Kombinationseignung nur wenige Genotypen, diese dafür aber sehr gründlich, geprüft werden. Gegensätzliches gilt für die Heritabilität. Sie ist bei der Massenauslese am geringsten, da die Beurteilung von Einzelpflanzen nur an einem Standort möglich ist. Bei

Topcross und Polycross ist die Heritabilität sehr viel höher, weil die Komponenten mehrjährig beobachtet werden können und Testkreuzungen in umfangreichen Leistungsprüfungen angebaut werden (Becker 1993).

2.4 Inzucht und Heterosis

Hybridsorten verbinden hohe Erträge mit natürlichem Sortenschutz, da die höchste Heterosis in den F_1 -Hybriden zu erwarten ist und im Nachbau teilweise verloren geht. Bei geeigneten Elternlinien sind die Hybridsorten homogener als Populationssorten und Resistenzen lassen sich leichter kombinieren. Die Blütenbiologie der Weidelgräser ermöglicht keine Massenkastation zur Hybridsaatguterzeugung im technischen und wirtschaftlichen Maßstab, wie sie etwa bei Mais angewendet wird. Gaue (1981) und Posselt (1984) schlugen in den 80er Jahren vor, die gelegentlich gefundene zytoplasmatische männliche Sterilität (CMS), die die Ausbildung fertiler Pollen verhindert (Nitzsche 1971), als Mechanismus zur Erzeugung von F_1 -Hybridsaatgut zu nutzen. Bei vielen fremdbefruchtenden Gramineen, wie Mais (Mangelsdorf 1951), Sorghum (Kaul 1988), Roggen (Geiger und Schnell 1970) und Hirse (Rajeshwari et al. 1994), wird CMS erfolgreich für die Erzeugung von Hybridsaatgut eingesetzt. Bei diesem System wird aber ein Restorer gen benötigt, um im Anbau die Pollenproduktion zur Sicherung des Kornertrages zu gewährleisten. Demgegenüber steht bei den Weidelgräsern die vegetative Wuchsleistung im Vordergrund und für die Futtererzeugung wird kein Restorer benötigt. Gaue et al. (2003) testeten drei CMS-Linien mit sechs Bestäuber-Linien und verglichen die Trockenmasseerträge der F_1 -Hybriden mit den Erträgen der Bestäuber, der CMS-Linien und von zugelassenen Sorten bei unterschiedlich hoher Stickstoffversorgung. Sie stellten fest, dass mit diesem System eine Hybridsaatgutproduktion lohnend ist, und zwar sowohl auf di- als auch auf tetraploider Ebene. Die F_1 -Hybriden waren leistungsstärker als ihre Eltern, besonders bei geringer Stickstoffversorgung. Bei der molekularen Charakterisierung der CMS-Linien (Gaue et al. 2003) und ihrer Maintainer-Linien mittels RFLPs (Ruge et al. 2003) zeigte sich, dass CMS-Linien mit hoher Stabilität mit einem Marker assoziiert sind und damit die von Gaue et al. (2003) gefundene stabile Sterilität von anderen instabileren CMS-Typen unterscheidbar ist.

Ein weiterer genetischer Mechanismus zur Erzeugung von Hybridsaatgut ist die Nutzung der Selbstinkompatibilität. Diese definierte Brewbaker (1957) als die Unfähigkeit einer Pflanze, die männliche und weibliche Gameten bildet, nach einer Bestäubung mit dem eigenen Pollen Samen anzusetzen. Sie ist bei fremdbefruchtenden Weidelgräsern unterschiedlich stark

ausgeprägt. Die Selbstinkompatibilität erhält die genetischer Diversität in natürlichen und agronomisch genutzten Populationen (Roldan-Ruiz et al. 2000a). Verantwortlich für die Selbstinkompatibilität ist bei *Lolium* das 2-Locus Selbstinkompatibilitätssystem, das erstmals von Lundqvist (1956) im Roggen aufgeklärt wurde. Cornish et al. (1979) wiesen es auch bei *L. perenne* und Fearon et al. (1983) bei *L. multiflorum* nach. Thorogood et al. (2002) kartierten die zwei Loci S und Z auf der Kopplungsgruppe 1 bzw. 2 in *L. perenne* (Turner et al. 2001) und stellten fest, dass die Loci den S und Z Loci des Roggens entsprechen, die ebenfalls auf den Kopplungsgruppen 1 bzw. 2 lokalisiert sind (Voylokov et al. 1994). Die Wirkung der Inkompatibilitätsreaktion der zwei Gene mit jeweils 40 Allelen je Locus (Fearon et al. 1983) besteht darin, dass lediglich Pollen auf der Narbe keimen und durchwachsen kann, der mindestens an einem der beiden Loci ein Allel trägt, welches nicht im Narbengewebe vorkommt. Dabei spielt der Sporophyt keine Rolle, allein der haploide Genotyp des Pollens ist für die Inkompatibilitätsreaktion entscheidend. Trotz dieses effektiven Mechanismus, der eine Selbstbestäubung verhindert, kann vor allem bei erzwungener Selbstung gelegentlich ein geringer Anteil an Selbstungsansatz, auch als Pseudokompatibilität bezeichnet, beobachtet werden (Elgersma et al. 1988). In der Natur spielt sie bei den Weidelgräsern keine Rolle, da durch Pseudokompatibilität entstandene Pflanzen Inzuchtdepression zeigen und wenig konkurrenzfähig sind.

In der Züchtung von Weidelgräsern sind bisher Inzuchtlinien nicht in größerem Umfang zum Einsatz gekommen. Dabei kann dieser pseudokompatible Ansatz für die Züchtung von größter Bedeutung sein, da über Selbstungsnachkommenschaften Inzuchtlinien entwickelt werden können. Es könnten eine Menge aufwändiger Leistungsprüfungen mit Ertragsermittlung eingespart werden, wenn bereits auf Inzuchtlinien-Ebene eine Selektion erfolgen könnte. Durch Kreuzung verschiedener Inzuchtlinien lässt sich die Vitalität und Fertilität zurückgewinnen und als Mittel zur Leistungssteigerung benutzen. Um den pseudokompatiblen Samenansatz zu erhöhen, führten Elgersma et al. (1988), Wilkins und Thorogood (1992) sowie Eickmeyer (1994) Selbstungen unter geeigneten Zellglastüten (McAdams et al. 1987) bei spezieller Wärmebehandlung an *L. perenne*, *L. multiflorum* und *L. temulentum* erfolgreich durch.

2.5 Zuchtziele

Bei der Beurteilung von *Lolium*-Stämmen kommt es darauf an, die Formen zu finden, die bei einem hohen Blattanteil gerade noch so viele Halme liefern, dass eine Samenproduktion

rentabel ist. In diesem Zusammenhang treten entwicklungsphysiologische Fragen auf, weil früh schossende Typen im allgemeinen einen verhältnismäßig geringen Blatt- aber hohen Halmanteil haben und nicht ausreichend winterfest sind. Ziel ist es, ein leistungsfähiges Weidelgras zu finden, das trotz früher Jugendentwicklung und guter Bestockung spät in die generative Phase eintritt (Hoffmann et al. 1970). Maßgebliche Faktoren sind die Anzahl ährentragender Halme, Halmlänge, Halmdurchmesser, Blattzahl und Blattdimension. Daraus ergeben sich die zwei wesentlichen Zuchtziele für Gräserzüchtung:

1. Die Erwirtschaftung eines qualitativ hochwertigen Futters bei ausreichender Samenproduktion und
2. Ertragsicherheit.

2.5.1 Futterproduktion

Entscheidend für ein hochwertiges Futter sind der Ertrag und die Qualität. Beever et al. (2000) definierten den Futterwert als die Kapazität eines Futters, die tierische Masse zu erhöhen. Sie hängt ab von der Menge an Futter, die ein Tier freiwillig aufnimmt, dem Gehalt an Nährstoffen und dem Adsorptionsvermögen der Nährstoffe. Die Zusammensetzung der Inhaltsstoffe bzw. die chemischen und physikalischen Eigenschaften des Futters verändern sich dynamisch in Abhängigkeit vom Entwicklungsstadium des Grases, der Sortenwahl, Licht, Wasser, Nährstoffversorgung und weiteren Umwelteinflüssen. Um die chemische Zusammensetzung der Trockenmasse möglichst genau erfassen zu können, unterteilten Van Soest und Wine (1967) diese in die Zellwandbestandteile und die Zellinhalte. Die Zellwandbestandteile bestehen aus pektinhaltigen Substanzen, strukturellen Polysacchariden (Hemizellulose und Zellulose) und Ligninen, die Zellinhalte aus Zellkern, Cytoplasma und einem Großteil an Proteinen, Peptiden, Nukleinsäuren, Lipiden, Zuckern und Stärke. Das Verhältnis der Zellwandbestandteile und Zellinhalte verändert sich kontinuierlich. Im zeitigen Wachstum machen die Zellinhaltsstoffe zwei Drittel der Trockenmasse aus, wobei Proteine den Hauptanteil bilden. Mit dem Altern der Gräser verändert sich die Zusammensetzung der Trockenmasse hin zu einem höheren Anteil an Zellwandbestandteilen bei gleichzeitiger Abnahme der Zellinhaltsstoffe. Parallel kommt es zu einer Abnahme an Proteinen, einerseits aufgrund eines erhöhten Halmanteiles und andererseits in einigen Fällen durch eine Konzentrationszunahme von Zuckern. Stärkegehalte (α -Glucose-Polymere) machen 3-4% der Trockenmasse aus (Beever et al. 2000). Mit Zuchtprogrammen lässt sich zwar der Rohproteingehalt in Futterpflanzen erhöhen, ebenso wichtig ist aber die Proteinqualität. Allgemein nehmen Proteine mit einem hohen Molekulargewicht mehr als 80% des Rohproteins ein. Bei

zunehmendem Alter der Futterpflanzen nimmt der Anteil an hoch-molekularen Proteinen ab, während der Anteil nicht-proteinhaltiger Stickstoffverbindungen wie Nitraten, Aminen und Amiden zunimmt. Beim Grünfutterschnitt zur Zeit des Schossens haben die Blätter einen Rohproteingehalt von etwa 10%, während die Halme knapp 5% und die Blütenstände etwa 13% besitzen. Daneben spielen der Gehalt an Zucker, Spurennährstoffen, Alkaloiden, Saponin (Bócsa 1990) u.a. Giftstoffen und die Siliereignung (Wilkinson und Stark 1992) eine Rolle. Den größten Einfluss auf die chemische Zusammensetzung hat das Blatt:Halmverhältnis, welches entscheidend vom Entwicklungsstadium abhängt, aber auch durch die Bestandesführung, z.B. über Düngung, stark beeinflussbar ist. Wird das Blatt: Halmverhältnis aller Futtergräser verglichen, dann weist das Welsche Weidelgras das höchste Blatt:Halmverhältnis auf. Dagegen sind für *Phleum pratense*, *Festuca pratensis* und *Dactylis glomerata* ein ungünstigeres Blatt:Halmverhältnis und damit höhere Anteile an Zellwandbestandteilen charakteristisch. Günstig ist eine Kombination des Blatt:Halmverhältnisses mit morphologischen Ertragsfaktoren wie guter Bestockung, hohem Wuchs und reicher Blattbildung, auf die leicht selektiert werden kann.

Der Trockensubstanz-Gehalt für die einzelnen Sorten ist verschieden. Nach Untersuchungen von Adler (1964) ist die Verdaulichkeit der organischen Masse bei tetraploidem Welschem Weidelgras höher als bei diploiden Sorten. Während die Trockensubstanz-Gehalte bei tetraploiden Sorten zwischen 21,0% und 23,5% betragen, liegen die Gehalte von diploiden Sorten durchschnittlich zwischen 24,0% und 26,0%. Seit 2003 ist eine tetraploide Sorte des Deutschen Weidelgrases („Roy“) mit den Trockensubstanzgehalten von diploiden Sorten in mehreren Ländern Europas verfügbar. Diese war über Kolchizinierung einer diploiden trockenstanzreichen Sorte von Reheul et al. (2003b) erzeugt worden.

Da der Futterbedarf mehr oder weniger gleichmäßig über das gesamte Jahr verteilt ist, Futter dagegen aber recht unregelmäßig zur Verfügung steht, sollte die Schnittverteilung berücksichtigt werden. Die Beurteilung der Pflanzen erfolgt daher nicht nach den höchsten Erträgen im ersten Schnitt sondern nach dem Gesamtertrag aus allen Schnitten (Hoffmann et al. 1970, Parsons und Chapman 2000).

Zur Ermittlung der Qualität können neben Rohfasergehalt und Eiweißgehalt auch die Verdaulichkeit herangezogen werden. Für das Vieh stellen wasserlösliche Kohlenhydrate die am schnellsten zugängliche Energie dar. Sie entstehen während der Photosynthese und werden für Wachstumsprozesse gebraucht oder als Reserven angelegt. Die Balance dieser Prozesse kann leicht durch Umweltfaktoren wie Trockenheit (Thomas und James 1999) oder kühle Temperaturen (Harrison et al. 1997) gestört werden. Humphreys (1989a, b) beobachtete eine

beträchtliche Variation im Gehalt von wasserlöslichen Kohlenhydraten innerhalb von *L. perenne*, was eine Auswahl von Kreuzungspartnern erleichtert. Andere Autoren bestimmten die Felderträge von Sorten und erfassten gleichzeitig die Gehalte von wasserlöslichen Kohlenhydraten. Während Smith et al. (1998) bei einigen Sorten gleichbleibende Futtererträge im Vergleich zu Standardsorten bei hohen Gehalten an wasserlöslichen Kohlenhydraten feststellten, fanden Humphreys (1989c) und Radojevic et al. (1994) bei einigen Sorten hohe Futtererträge bei gleichzeitig hohen Gehalten an wasserlöslichen Kohlenhydraten. Sowohl Radojevic et al. (1994) als auch Smith et al. (1998) fanden Sorten, bei denen die Futtererträge geringer waren als bei den Standard-Parzellen.

2.5.2 Ertragssicherheit

Die Ertragssicherheit erfasst die Ausdauer der Gräser, d.h. Toleranz gegenüber Kälte (Van Wijk und Reheul 1990), Trockenheit, Nässe, Befahren und Nutzungsintensität (Schnitte, Düngung). Konkurrenzkraft, Standfestigkeit und Resistenzen gegenüber Herbiziden und Krankheiten sind wünschenswert.

Zu den wichtigsten Krankheitserregern gehört der Schneeschimmel (*Fusarium culmorum*), der Gräserkeimlinge befällt (Holmes 1983). Ungenügende Bodenfeuchtigkeit oder zu tiefe Aussaat begünstigen die Ausbreitung des Pilzes (Lewis 1989) und können zur Auswinterung ganzer Bestände führen (Börner 1998). Pilzliche Blatterkrankungen treten an allen Futtergräsern auf. Am häufigsten und in ihrer Bedeutung am wichtigsten sind bei den Weidelgräsern zwei Erreger von Blattflecken, nämlich *Drechslera* ssp. und *Rhynchosporium* ssp., Mehltau (*Blumeria graminis*) und Kronenrost (*Puccinia coronata* f. sp. *lolii*) (Lam 1983, Lewis 1992). Während Kronenrost verstärkt im Spätsommer auftritt, haben die anderen drei Erreger ihre größte Bedeutung im Frühjahr vor dem ersten Schnitt. Rost und Mehltau gelten als Krankheiten trockenerer Gebiete, die beiden Blattfleckenenerreger treten häufiger in feuchteren Regionen auf. Zu Rostepidemien kommt es nach warmen und trockenen Tagen, wenn die orangefarbenen Sporen verbreitet werden, in Verbindung mit feuchten Nächten, in denen die Sporenkeimung und eine Infektion der Blätter gefördert wird. Rostinfektion hemmt die Funktion der Blätter und führt zu schneller Seneszenz (Kimbeng 1999). Die Folgen sind Verluste an Grünmasse von bis zu 94% und Verluste an Trockenmasse von bis zu 37% (Price 1987), verminderte Wurzelgewichte, reduzierte Blattflächen, eine verringerte Anzahl an ährentragenden Halmen (Plummer et al. 1990) und ein zusätzlicher Befall mit Saprophyten von durch Rostbefall abgestorbenem Material (McKenzie 1971). Zu solchen Saprophyten zählen z.B. *Pithomyces chartarum* (Berk. & Curt) M.B. Ellis, das zu Ekzemen bei Schafen

führt (Lancashire und Latch 1966) und *Fusarium* ssp., die oestrogenische Mycotoxine (Skipp und Hampton 1996) produzieren. Ein Befall mit Mehltau ist als weißgrauer Belag auf der Blattoberfläche zu erkennen. Vor allem Infektionen bei dichten Beständen und nachfolgende Trockenheit begünstigen seine Ausbreitung und können sowohl eine reduzierte Qualität als auch Quantität der Schnitte zur Folge haben (Thomas 1991). Die beiden Blattfleckenerreger treten das ganze Jahr über auf, sind aber von untergeordneter Bedeutung, obwohl auch von schweren Qualitätseinbußen beim Welschen Weidelgras bei einem kalten und feuchten Frühjahr bzw. Herbst berichtet wird (Lam 1985). Mit einem Einsatz von Fungiziden wie Propiconazolen lassen sich alle vier Erreger unter Kontrolle halten. Lewis et al. (1996) stellten nach einer Behandlung außerdem eine geringere Neuinfektion fest. Da Kronenrost die wichtigste Blatterkrankung in Europa ist und physiologische Rassen mit unterschiedlicher Virulenz existieren (Wilkins 1978a, b, Potter et al. 1990, Schubiger et al. 2003), ist er bei vielen Züchtern Bestandteil von Zuchtprogrammen.

Im Gegensatz zu Blatterkrankheiten sind Viruserkrankungen systemisch und Pflanzen bleiben lebenslang infektiös. Huth (1994) hat 26 Gräser-infizierende Viren identifiziert. Ökonomisch für die Weidelgräser von Bedeutung sein können das *Ryegrass Mosaic Virus* und das *Barley Yellow Dwarf Virus*. Heard et al. (1974) beobachteten, dass sich das *Ryegrass Mosaic Virus* sehr schnell im Welschen Weidelgras ausbreitete, Holmes (1980) stellte hohe Ertragsverluste fest. Eine Infektion erfolgt über Milben (*Abacarus hystrix*) in Neuanlagen. Heute sind Sorten mit verbesserten Resistenzeigenschaften in Großbritannien verfügbar (NIAB 1998). Das *Barley Yellow Dwarf Virus* verursacht im Deutschen Weidelgras größere Schäden als im Welschen Weidelgras, verhält sich damit konträr zum *Ryegrass Mosaic Virus* (Catherall 1987). Die Übertragung erfolgt über verschiedene Aphiden und verläuft häufig symptomlos. Es gibt noch keine Sorten, die resistent gegenüber *Barley Yellow Dwarf Virus* sind. Außerdem wird auf Toleranz gegenüber Bakterienwelke (*Corynebacterium* ssp.) und Insekten (*Sipha maydis*, *Oulema* ssp., *Oscinella frit*) selektiert (Mühle 1971).

Viele Gräsergattungen werden auch von nicht-pathogenen Pilzen, die zu der Gattung *Neotyphodium* gehören, infiziert. Diese Pilze sind Endophyten und leben in einer Symbiose mit dem Gras, obwohl *Neotyphodium* von der Gattung *Epichloe* abstammt (Wilkinson und Schardl 1997), von denen einige Arten zu der ‚Choke‘-Krankheit in Gräsern (Erstickungsschimmel) führen. Die Symbiose hat einen Anstieg von unterschiedlichen Alkaloiden in den Pflanzen zur Folge (Powell und Petroski 1992). Während Ergovaline und LolitremB bei Tieren toxische Reaktionen hervorrufen, sind Peramine und Loline Detergenzien gegen nahrungssuchende Insekten (Latch 1997). Endophyten sind in Europa weit verbreitet (Lewis

et al. 1997), haben hier aber keine weitere Bedeutung, da bisher keine Ertragsvorteile festgestellt wurden.

Die Züchtung auf Samenertrag ist bei den Weidelgräser bisher wenig berücksichtigt worden (Griffiths 1965, Elgersma 1985). Nur 15 bis 20% der Ährchen produzieren Samen, der geerntet werden kann. Für die Saatgutproduktion bedeutsame Merkmale sind die Anzahl der Samentriebe, die Anzahl der Ährchen, die Anzahl der Körner, das TKG und die Vitalität. Verluste können durch sterile Blüten (Knowles und Baenzinger 1962) oder Nicht-Befruchtung bei ungünstiger Witterung während der Blütezeit auftreten. Blüten können bestäubt werden, aber aufgrund von Inkompatibilität oder ungünstiger Witterung unterbleibt die Pollenkeimung und die Pollenschlauchentwicklung (Elgersma und Śniezko 1988). Burbidge et al. (1978) und Hill (1980) berichten, dass Embryos oder sich entwickelnde Samen unreif abgestoßen wurden. Radatz (1973) und Elgersma et al. (1989) begründen eine geringe Ausfallfestigkeit während der Reife durch eine frühzeitige Ausbildung einer Trennzone. Ein weiterer Teil der potentiellen Erträge geht durch Samenausfall vor (Anslow 1964) und bei der Ernte (Stoddart 1964, Jensen 1976) sowie bei der Aufbereitung (Meijer 1985) verloren. Für den Samenansatz ist die Fertilität und ein einheitliches Blühen und Abreifen eines Bestandes bedeutsam (Elgersma 1985). Bei anderen Gräser-Gattungen (*Dactylus*, *Phleum* und *Festuca*) beeinflussten die Herbstentwicklung, das Vernalisationsbedürfnis und die Bestandesdichte den Samenertrag (Schöberlein 1970).

Die jährlichen Verluste betragen mindestens 15% (Hoffmann et al. 1970). Bei einem Saatgutverbrauch bei *L. multiflorum* in Deutschland von 6500 t/Jahr, aber nur 5500 ha Inlandsvermehrungsflächen für zugelassene Sorten (1999-2001) und Saatguterträgen von mindestens 1 t/ha, müssen jährlich aus Vertragsstaaten der EU und Drittländern 1000 t Saatgut importiert werden (Bundessortenamt 2001).

2.6 Merkmale zur Sortenunterscheidung

2.6.1 Phänotypische Merkmale

Eine genetische Analyse der Heterogenität zwischen und innerhalb synthetischer Sorten spielt eine große Rolle in der Sortenidentifikation und Saatgutzertifizierung. Neue Futterpflanzen-sorten dürfen erst innerhalb Europas vertrieben werden, wenn sie sich in mindestens einem Merkmal von den schon aufgelisteten Sorten unterscheiden (Ostergaard und Nielsen 1981). Nach dem Internationalen Nomenklatur-Code (1969) lassen sich Pflanzen einer Sorte durch eine umfassende botanische Beschreibung anhand prägnanter Merkmale, die auch nach der

geschlechtlichen oder ungeschlechtlichen Vermehrung wieder diese Identifizierungsmerkmale zeigen, beschreiben. Nach Siebert (1975) befinden sich grundsätzliche Hinweise über Merkmale und ihre Ausprägung im Blatt für Sortenwesen. Die Merkmale können morphologischer, physiologischer, zytologischer oder chemischer Natur sein. Sie werden in der Registerprüfung durch das Bundessortenamt (BSA) erfasst und bei Unterscheidbarkeit, Homogenität, Beständigkeit und Neuheit einer Sorte in die 'Beschreibende Sortenliste Gräser, Klee, Luzerne' aufgenommen. Die Summe der Anbau-, Ertrags-, Resistenz- und Qualitätseigenschaften einer Sorte wird in der Wertprüfung auf den landeskulturellen Wert geprüft (Fischer-Weyer und Freudenstein 1995, Klemm 1999). Die Registerprüfung auf Unterscheidbarkeit, Gleichheit und Stabilität (DUS) für eine Anmeldung von Sorten des Welschen Weidelgrases erfolgt derzeit an phänotypischen Merkmalen wie Zeitpunkt des Ährenschiebens, Blühbeginn, Fahnenblattlänge und -breite, Anzahl der Ährchen, Abstand des Fahnenblattes bis zur Ährenspitze, Blattfarbe, Pflanzenhöhe, Wuchsform und Krankheitsanfälligkeit. Diese Merkmalsausprägungen werden alle sehr stark von der Umwelt und dem Entwicklungsstadium beeinflusst. Dies führt zu Schwierigkeiten in einer gleichmäßigen Beurteilung von Sorten. Deshalb wird die Registerprüfung an 1 bis 2 Versuchsstandorten über 2 bis 3 Jahre durchgeführt und Merkmale wie Blattfarbe, Wuchsform und Wuchshöhe zu mehreren Zeitpunkten der Vegetationsperiode erfasst.

2.6.2 Genetische Marker

Phänotypische Marker können auch als genetische Marker nutzbar sein. Im Gegensatz zu den phänotypischen Merkmalen ist die Anzahl der genetischen Marker nahezu unbegrenzt. In der Literatur sind unterschiedliche Definitionen in Abhängigkeit von ihrem Gebrauch vorhanden. Biochemische und molekulare Marker, deren Positionen auf den Chromosomen nicht bekannt sein müssen, können für die Identifizierung von Sorten eingesetzt werden (Preston et al. 1999, Roldan-Ruiz et al. 2000a).

Seit 1972 bestehen Internationale Nomenklaturempfehlungen für Isoenzyme (IUPAC-IUB 1972). Danach werden Enzyme, die natürlich in einer Spezies vorkommen und eine gleichartige katalytische Aktivität zeigen, als ‚multiple molekulare Formen‘ eines Enzyms bezeichnet. Isoenzymmarker wurden bei *Lolium* zur Identifizierung von Sorten verwendet (Hayward und McAdams 1977, Ostergaard und Nielsen 1981, Gilliland et al. 1982, Kennedy et al. 1985, Nielsen et al. 1985, Quate und Camlin 1986a, b, Fernando et al. 1997, Bennett et al. 2002). Hayward et al. (1978) und Bullitta et al. (1993) bestimmten den Anteil aus Selbst- und Fremdbefruchtung in *Lolium*-Populationen. Coleman (1977) führte eine genetische

Analyse von Isoenzymloci von fünf Isoenzymen durch. McAdams et al. (1984) und Charmet und Balfourier (1994) ermittelten Allelfrequenzen verschiedener Isoenzymloci bei unterschiedlichen *Lolium*-Arten. Eickmeyer (1994) optimierte die Techniken der Isoenzymanalysen, so dass sie für Routineuntersuchungen in Gräserzuchtbetrieben einfach und kostengünstig eingesetzt werden können.

Markersysteme, mit denen die genetische Variation auf der Basis von DNA-Sequenzen erfasst werden können, haben sich ebenfalls für die Unterscheidung von *Lolium*-Populationen als brauchbar erwiesen (Morell et al. 1995). RFLP sind kodominant. Warpeha et al. (1998) verwendeten sie für Populationsstudien und Sato et al. (1995) für Untersuchungen zur cytoplasmatische Variation innerhalb einer Sorte von *L. perenne*. Der Nachteil der RFLPs ist die sehr zeitintensive technische Durchführung. Seit der Entwicklung der PCR-Technik für die Amplifikation von Fragmenten (Saiki et al. 1988) sind weitere Markertechniken, die auf der PCR- (polymerase chain reaction) Technik basieren, entwickelt worden. Mit RAPDs (random amplified polymorphic DNA) lassen sich die technischen Nachteile der RFLPs umgehen. Der große Nachteil der RAPDs ist aber, dass sie dominant-rezessiv vererbt werden und sehr sensitiv gegenüber Reaktionsbedingungen aufgrund von Mismatches bei der Anlagerung des Oligoprimer reagieren (Neale und Harry 1994). Vergleichende Analysen von RAPDs mit anderen Markersystemen wie RFLPs, AFLPs und Mikrosatelliten (s.u.) zeigten häufig nur geringe Übereinstimmung der Datensätze mit anderen Markersystemen (Powell et al. 1996, Jones et al. 1997, Pejic et al. 1998). Sweeney und Danneberger (1994), Sweeney und Danneberger (1997), Huff (1997), Barker und Warnke (1998) und Kölliker et al. (1999) setzten RAPDs erfolgreich für die Unterscheidung von Sorten ein. In der AFLP-Technik (Vos et al. 1995) werden charakteristische Eigenschaften von RFLPs, PCR und RAPDs kombiniert. Die Technik basiert auf selektiver PCR-Amplifikation von Restriktionsfragmenten von komplett verdauter genomischer DNA. In ihr sind die Verlässlichkeit der RFLP-Technik und die technische Einfachheit der PCR-Technik vereint (Jones et al. 1997). Deshalb können AFLPs auch mit jeglicher Art von DNA durchgeführt werden, ohne dass irgendwelche Sequenzinformationen benötigt werden, spezifische Primer synthetisiert oder zunächst Bibliotheken erstellt werden müssen (Zabeau und Vos 1993). Polymorphismen von AFLP-Fragmenten können auf SNPs (single nucleotide polymorphism), Insertionen oder Deletionen (Indels) und/oder Mikrosatelliten beruhen (Bradeen und Simon 1998, Wei et al. 1999). Wie die RAPDs sind die AFLPs in der Regel dominant-rezessiv. Der Vorteil der AFLPs gegenüber anderen, auf kurze Oligonukleotid-Primer zurückgreifende Methoden wie den RAPDs ist, dass viele hoch reproduzierbare Bandenprofile mit vielen Polymorphismen

erhalten werden. Somit kann der Arbeitseinsatz reduziert werden bei gleichzeitiger Zunahme des Datenumfanges (Maguire et al. 2002). Bei den Weidelgräsern wurden AFLPs vor allem für Verwandtschaftsanalysen (Roldan-Ruiz et al. 1997, 2000a, Guthridge et al. 2001, Cresswell et al. 2001) aber auch Assoziationsstudien (Roldan-Ruiz et al. 2001, Skot et al. 2002) und Untersuchungen zur Verteilung von Fragmenten unterschiedlicher Größen (Vekemans et al. 2002) eingesetzt.

Mikrosatelliten, auch simple sequence repeats (SSRs) genannt, sind kurze DNA-Sequenzen, die aus 1-6 Basenpaaren bestehen und unterschiedlich häufig wiederholt werden. Die Allele der Mikrosatelliten sind das Ergebnis einer Veränderung der Zahl an Wiederholungen. Nullallele kommen durch Polymorphismen in der Primer-Bindungsstelle zustande (Stachel et al. 2000). Mikrosatelliten sind gut reproduzierbar, Locus-spezifisch und kodominant (Weissenbach et al. 1992). Der Nachteil ist ihre arbeitsintensive und kostspielige Herstellung (Powell et al. 1996). Beim Deutschen Weidelgras sind bisher lediglich 31 polymorphe Mikrosatelliten publiziert (Kubik et al. 1999, 2001; Jones et al. 2001). Aus diesem Grund testeten unterschiedliche Forschergruppen alternative Methoden für das Auffinden von Mikrosatelliten.

Eine weitere Markerklasse stellen SNPs dar. Der Polymorphismus eines SNP-Markers basiert auf einem einzelnen Basenaustausch innerhalb des Genoms (Lin et al. 1999). SNPs sind hoch abundant und neigen weniger stark zu Mutationen als Mikrosatelliten (Giordano et al. 1999). Über SNPs sind bis heute bei *Lolium* noch keine Publikationen verfügbar.

2.7 Kartierungspopulationen in *Lolium*

Ein Zuchtprogramm lässt sich verbessern, wenn Informationen über die Anzahl und die Verteilung der Genorte, die an der Ausprägung eines wichtigen Merkmals beteiligt sind, vorliegen. Um solche Informationen zu erhalten, ist es notwendig, zuvor eine genetische Karte zu erstellen in Populationen, die an möglichst vielen Loci spalten. Anschließend werden die interessanten Merkmale in die Karte integriert. Bei fremdbefruchtenden Arten werden für die Herstellung solcher Kartierungspopulationen zwei multiple heterozygote Individuen miteinander gekreuzt, sofern eine ausreichende Populationsgröße nicht über die Selbstung einer Einzelpflanze erzeugt werden kann. Die Nachkommenschaft hat dann bis zu vier Allele pro Genort. Eine Vereinfachung der Methode stellt die Kreuzung einer heterozygoten Pflanze mit einem homozygoten oder nahezu homozygoten Bestäuber dar. In einer solchen Nachkommenschaft können je Genort maximal zwei unterschiedliche Allelkombinationen an

einem Ort und vier an zwei Genorten auftreten. Die erste genetische Karte für *Lolium* (Hayward et al. 1994, 1998) wurde mit einer Nachkommenschaft erstellt, dessen einer Elter eine interspezifische Hybride aus *L. perenne* x *L. multiflorum* und dessen anderer Elter eine künstlich über Antherenkultur erzeugte homozygote *L. perenne* Pflanze war. Diese Population überlebte nicht sehr lange Zeit und es wird vermutet, dass die *L. multiflorum* Gene dafür die Ursache waren. In der International *Lolium* Genome Initiative (ILGI; Forster 1999) haben sich Forschungsgruppen zusammengeschlossen, um das Genom von *L. perenne* detailliert zu analysieren. Die entsprechende ILGI-Kartierungspopulation (<http://ukcrop.net/perl/ace/-search/FoggDB>), auch p150/112 F₁ Population genannt, entstand aus der Kreuzung einer hochgradig heterozygoten Pflanze von *L. perenne*, die einen sehr komplexen Stammbaum hatte, und einem doppelt haploiden Bestäuber. Eickmeyer (1994) erstellte Kartierungspopulationen mit Welschem Weidelgras, indem er hochgradig heterozygote Pflanzen selbstete und Spaltungsanalysen mit den Nachkommenschaften (entsprechen bei Selbstbefruchtern einer F₂) durchführte.

Der Einsatz von RFLP-Sonden hat gezeigt, dass viele Poaceae-Arten, wie Reis, Mais, Hirse, Sorghum, Zuckerrohr, Weizen, Gerste und Roggen (Gale und Devos 1998) Genome haben, die verwandt in Bezug auf ihre segmentalen Strukturen der genetischen Karten (konservierte Syntänie) und der Reihenfolge von Genen (konservierte Kolinearität) sind. Taylor et al. (2001) leiteten von drei Gerstengenomen, einem Rohrglanzgrasgenom und je zwei Gersten- und Hafer-cDNA-Klonen Primer ab. Sie fanden bei den Primern in *L. perenne*, die dort ein Fragment amplifizieren konnten, Homologien von 52%. Ein hoher Grad an konservierter Syntänie und Kolinearität wurde zwischen den genetischen Karten von Weizen, Gerste und Hafer gefunden (Namuth et al. 1994, Van Deynze et al. 1995, Dubcovsky et al. 1996), die alle derselben Unterfamilie (Pooideae) angehören wie *L. perenne* (Soreng und Davis 1998). Deshalb ist zu vermuten, dass zwischen den Karten dieser Spezies und *L. perenne* ebenfalls Syntänie und Kolinearität existieren. Der Vorteil hierbei wäre, dass Informationen über die Kontrolle chemischer, physiologischer und agronomischer Prozesse von anderen Genomen (Weizen, Gerste und Hafer) auf *Lolium* übertragen werden könnten.