

# Pflanzen

## Genetische Diversität im Schweizer Mattenklees

Roland Kölliker, Beat Boller, Yvonne Häfele, Simone Günter, Doris Herrmann und Franco Widmer, Eidgenössische Forschungsanstalt für Agrarökologie und Landbau (FAL), Reckenholz, CH-8046 Zürich

Auskünfte: Roland Kölliker, E-Mail: roland.koelliker@fal.admin.ch, Fax +41 (0)1 377 72 01, Tel. +41 (0)1 377 73 45

### Zusammenfassung

**D**urch jahrzehntelange Produktion von Kleesamen auf Schweizer Bauernhöfen entwickelten sich zahlreiche, lokal bestens angepasste, ausdauernde Rotklee-Herkünfte, die so genannten Mattenklees-Hofsorten. Obwohl weitgehend in Vergessenheit geraten, sind heute noch rund hundert dieser alten Hofsorten erhalten. Über die genetische Diversität dieser potenziell wertvollen Mattenklees-Hofsorten lagen bisher keine Informationen vor. Wir konnten mit Hilfe von genetischen Markern (AFLP) zeigen, dass die Mattenklees-Hofsorten eine genetisch differenzierte Gruppe darstellen und sich deutlich von Zuchtsorten des Mattenklees und des Ackerklees unterscheiden. Die grosse Diversität der Mattenklees-Hofsorten zeigt deutlich deren Wert für die weitere züchterische Verbesserung von Rotklee, aber auch für die Erhaltung und Förderung der Biodiversität in Ansaatwiesen. Innerhalb der acht genetisch charakterisierten Mattenklees-Hofsorten konnten drei deutlich differenzierte Gruppen unterschieden werden. Morphologische Untersuchungen bestätigten die grosse Diversität zwischen den Mattenklees-Hofsorten und die agronomische Leistungsprüfung unterstrich deren potenziellen Wert für die Züchtung. Die hier präsentierte Information über die genetische Diversität erleichtert die Erhaltung und effiziente Nutzung der Mattenklees-Hofsorten.

Rotklee (*Trifolium pratense* L.), weltweit eine der wichtigsten Futterleguminosen, wird schon seit dem 3. Jahrhundert kultiviert. Wirtschaftliche Bedeutung erlangte der Anbau jedoch erst anfangs des 17. Jahrhunderts als flämische Bauern die Bedeutung der Stickstofffixierung erkannten und Rotklee anstelle der Brache in ihre Fruchtfolge aufnahmen.

### Mattenklees – eine Schweizer Spezialität

Bald nach seiner Einführung aus Flandern im 18. Jahrhundert wurde Rotklee zu einem unverzichtbaren Bestandteil der schweizerischen Graswirtschaft (Abb. 1). Rotkleesamen wurden meist im dritten oder vierten Jahr nach der Aussaat mit dem Kleerechen aus den etwas lichterem Beständen ge-

Abb. 1. Das Emmental ist das Ursprungsgebiet der Schweizer Kleewirtschaft und Herkunft vieler Mattenklees-Hofsorten. (Foto: Gabriela Brändle, FAL)





Abb. 2. Einzelpflanzen werden bonitiert, um die genetische Diversität anhand morphologischer Merkmale zu bestimmen. (Foto: Beat Boller, FAL)

erntet und im folgenden Jahr wieder ausgesät. Diese, über Jahrzehnte durchgeführte, hofeigene Saatgutproduktion führte zu mehreren hundert, lokal bestens angepassten Hofsorten. Bedingt durch die späte Saatgutgewinnung fand zudem eine gewisse Selektion von besonders ausdauernden Genotypen statt. So entstand eine Schweizer Spezialform des Rotklee, der so genannte Mattenklee.

Gezielte züchterische Anstrengungen seit Beginn des letzten Jahrhunderts führten zu einer breiten Palette von verbesserten Rotkleearten. In der Schweiz fanden einige Mattenklee-Hofsorten Eingang in das Zuchtprogramm. Heute verfügen wir über eine breite Palette von bestens angepassten Mattenklee-Zuchtarten, die in der Schweiz und im benachbarten Europa verbreitet eingesetzt werden (Boller 2000a). Diese Mattenklee-Zuchtarten unterscheiden sich von anderen Rotkleearten, den so genannten Ackerklee-Sorten, vor allem durch eine bessere Ausdauer und einen erhöhten Ertrag im dritten Nutzungsjahr.

### Vergessenes Reservoir genetischer Diversität?

Mit der zunehmenden Verfügbarkeit von hochwertigem Saatgut nahm die hofeigene Saatgutproduktion stetig ab und die Mattenklee-Hofsorten drohten vollständig zu verschwinden. Dank einer grossangelegten Sammelaktion in vielen Teilen der Schweiz (Nüesch 1976) konnten kleine Saatgutmengen von rund 100 Hofsorten sichergestellt und bis heute konserviert werden. Diese noch verbleibenden Hofsorten könnten in verschiedener Hinsicht ein wertvolles Reservoir genetischer Diversität darstellen. Sie könnten wertvolle Merkmale für die Züchtung von Mattenklee enthalten und einen wichtigen Beitrag zur Produktion von hochwertigem Grünfutter leisten. Darüber hinaus könnten Mattenklee-Hofsorten dazu beitragen, die genetische Diversität in weniger intensiv genutzten Ansaatwiesen zu erhalten oder zu erhöhen. Im Rahmen des nationalen Aktionsplanes zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der pflanzengenetischen Ressour-

cen für Ernährung und Landwirtschaft sollen die noch verbliebenen Mattenklee-Hofsorten von der Eidgenössischen Forschungsanstalt für Agrarökologie und Landbau (FAL), Reckenholz, in Zusammenarbeit mit dem Verband Schweizerischer Saatgut und Jungpflanzenfirmen (VSSJ) regeneriert und charakterisiert werden. Die Keimfähigkeit dieser über 30 Jahre alten Saatgutreserven war zum Teil sehr tief und lag im Mittel bei 10 %. Zurzeit steht von rund 50 Sorten genügend Saatgut für eine detaillierte Charakterisierung zur Verfügung.

### Bestimmung der genetischen Diversität

Agronomisch interessante Merkmale wie zum Beispiel Blühbeginn, Blattgrösse und Trockensubstanzertrag können zur Bestimmung der genetischen Diversität von Pflanzenpopulationen dienen. Hier präsentieren wir erste Ergebnisse dieser aufwändigen Untersuchungen (Abb. 2) mit einigen Mattenklee-Hofsorten. Mit Hilfe von genetischen Markeranalysen wie zum



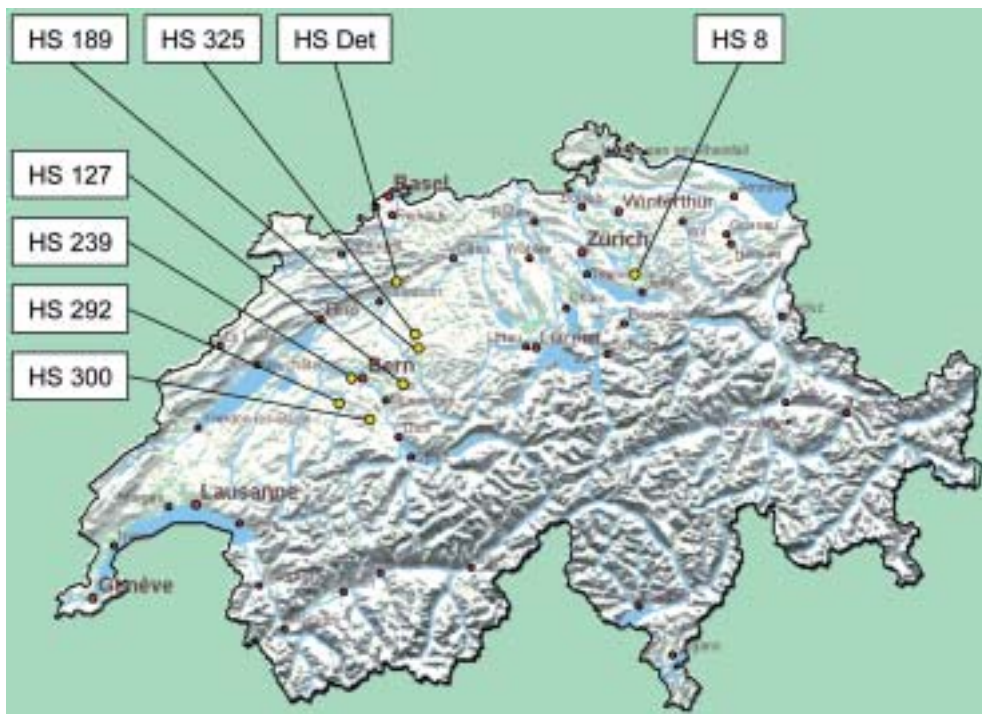


Abb. 3. Herkunft der Mattenkleee-Sorten, welche für die genetischen Analysen verwendet wurden. HS = Hofsorte.

Beispiel Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP, Vos *et al.* 1995) kann die genetische Diversität mit im Vergleich zu morphologischen Untersuchungen geringem Aufwand an mehreren hundert, zufällig über das Genom verteilten Genorten (Loci) analysiert werden.

In dieser Studie haben wir die genetische Diversität im Schweizer Mattenkleee untersucht, um den Wert dieser Hofsorten für die Futterpflanzenzüchtung und für die Erhaltung der biologischen

Diversität in Ansaatwiesen abschätzen zu können. Die Ziele unserer Arbeit waren einerseits, mit Hilfe von genetischen Markern abzuklären, ob Mattenkleee-Hofsorten eine differenzierte Gruppe innerhalb von Rotklee darstellen und die genetische Diversität innerhalb und zwischen Mattenkleee-Hof- und Zuchtsorten zu ermitteln. Andererseits verglichen wir diese Ergebnisse mit den ersten Erkenntnissen aus den morphologischen Untersuchungen von Mattenkleee-Hofsorten.

Abb. 4. Für die Extraktion der Erbsubstanz (DNA) wird Pflanzenmaterial in Flüssig-Stickstoff bei  $-196^{\circ}\text{C}$  zu feinem Pulver zermahlen. (Foto: Roland Kölliker, FAL)



## Genetische Analysen

Acht Mattenkleee-Hofsorten (Abb. 3), acht Mattenkleee-Zuchtsorten und drei Ackerkleee-Zuchtsorten sowie die Weisskleesorte Bombus wurden mit Hilfe von AFLP-Markern analysiert. Von jeder der 20 Populationen wurden 24 Einzelpflanzen zufällig ausgewählt. Aus jeder Pflanze wurde die Erbsubstanz (DNA) extrahiert (Abb. 4), welche anschliessend verdaut und mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert wurde. Die Produkte aus der PCR wurden mit Hilfe eines Kapillarsequenzierers (Abb. 5) aufgetrennt und als genetischer Fingerprint sichtbar gemacht. Für jede Pflanze wurde so ein charakteristischer AFLP-Fingerprint erstellt (Abb. 6). Ein kompletter AFLP-Fingerprint bestand aus insgesamt 126 polymorphen AFLP-Markern, das heisst Markern, die über das gesamte Datenset mindestens einen Unterschied zwischen zwei Pflanzen ermittelten. Die AFLP-Fingerprints aller Einzelpflanzen wurden miteinander verglichen und die genetische Diversität innerhalb und zwischen den verschiedenen Sorten wurde ermittelt.

## Mattenkleee – eine eigenständige Gruppe

Gut 70 % der Diversität, die mit den 126 AFLP-Markern zwischen den 456 Rotklee Pflanzen ermittelt wurde, hatte ihren Ursprung in der Diversität zwischen einzelnen Pflanzen innerhalb der jeweiligen Sorten. Rotklee ist eine obligat fremdbefruchtende Art mit einem hohen Grad an Selbststerilität (Abb. 7). Sorten sind daher nicht reinerbige Linien sondern Populationen, die sich aus einer grossen Anzahl einzelner Genotypen zusammensetzen. Dies erklärt die grosse Diversität innerhalb der Sorten, die in ähnlichem Ausmass auch bei anderen Futterpflanzen auftritt (Kölliker *et al.* 1999). Rund 20 % der Diversität hatte

ihren Ursprung zwischen den drei Gruppen Mattenkle-Hof-sorten, Mattenkle-Zuchtsorten und Ackerkle-Zuchtsorten. Dies ist bereits ein deutlicher Hinweis darauf, dass es sich bei Mattenkle-Hof- und Zuchtsorten sowie bei Ackerkle um genetisch unterschiedliche Gruppen handelt. Eine Auftrennung der einzelnen Pflanzen basierend auf den AFLP-Markerdaten (Diskriminanzanalyse) verdeutlichte diese Gruppierung. Alle 456 Einzelpflanzen wurden den entsprechenden Gruppen zugeordnet (Abb. 8).

### Grosse Diversität zwischen den Sorten

Basierend auf den AFLP-Fingerprints berechneten wir die Verwandtschaftskoeffizienten zwischen den einzelnen Sorten. Diese Koeffizienten wurden verwendet, um die Sorten zu gruppieren (Clusteranalyse) und die Verwandtschaftsverhältnisse graphisch darzustellen (Abb. 9). Die Weisskleeart Bombus ist deutlich von den Rotkleearten abgetrennt. Obwohl beide Arten zur gleichen Gattung gehören, sind Rot- und Weissklee nicht nahe miteinander verwandt und lassen sich auch nicht miteinander kreuzen. Dass die Verwandtschaftskoeffizienten zwischen einzelnen Rotkleearten bis zu 36 % des Wertes zwischen Rot- und Weissklee erreichten (Abb. 9), zeigt die grosse Bedeutung der Diversität innerhalb des Mattenklee.

Die Rotkleearten bilden zwei Hauptgruppen: eine mit den Mattenkle-Zuchtsorten, die andere mit den Mattenkle-Hof-sorten und den Ackerkle-Zuchtsorten. Dies ist ein Hinweis für die nähere Verwandtschaft der Mattenkle-Hof-sorten zu den Ackerkle-Zuchtsorten als zu den Mattenkle-Zuchtsorten. Es wird angenommen, dass sowohl Matten- als auch Ackerkleearten ursprünglich aus alten flämi-



Abb. 5. Die genetischen Fingerprints wurden mit Hilfe eines Kapillar-Sequenzierers angefertigt. (Foto: Roland Kölliker, FAL)

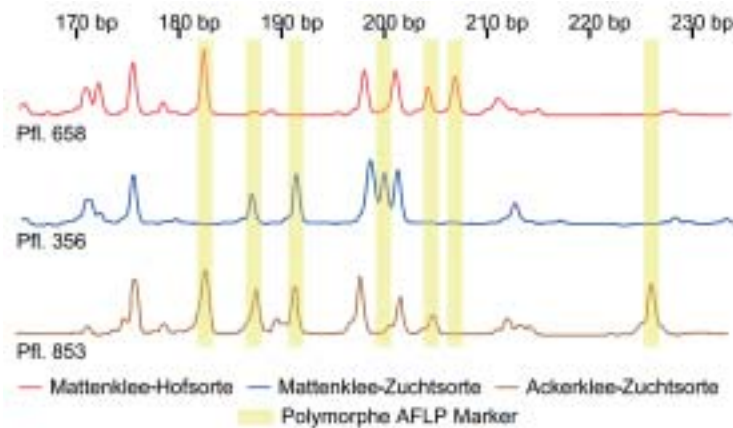


Abb. 6. Ausschnitt von AFLP-Fingerprints, welche die Unterscheidung von drei Einzelpflanzen aus drei verschiedenen Rotkleearten veranschaulichen. bp = Grösse der Fragmente aus der Polymerase-Kettenreaktion in Basenpaaren.

schen Rotklee-Herkünften hervorgegangen sind. Mattenkle-Zuchtsorten wurden an einem einzigen Standort (FAL, Reckenholz) mit Schwerpunkt auf einige wenige Merkmale wie

Ausdauer und Krankheitsresistenz gezüchtet. Dies führte wahrscheinlich zu einem gegenüber den übrigen Gruppen deutlicher abgegrenzten Genpool als die natürliche Selektion unter



Abb. 7. Mattenkle ist ein obligater Selbstbefruchter und daher auf Bestäubung durch Hummeln angewiesen. Seine Blüten sind auch attraktive Futterplätze für zahlreiche andere Insekten. (Foto: Gabriela Brändle, FAL)



Abb. 8. Auftrennung von 456 Rotkleeplantzen in die entsprechenden Gruppen aufgrund einer Diskriminanzanalyse basierend auf 126 AFLP-Markern. Die drei Diskriminanzfunktionen (Disk.) erklären zusammen 81 % der Diversität zwischen den Mattenklee-Hofsorten (rot), den Mattenklee-Zuchtsorten (blau) und den Ackerklee-Zuchtsorten (braun).

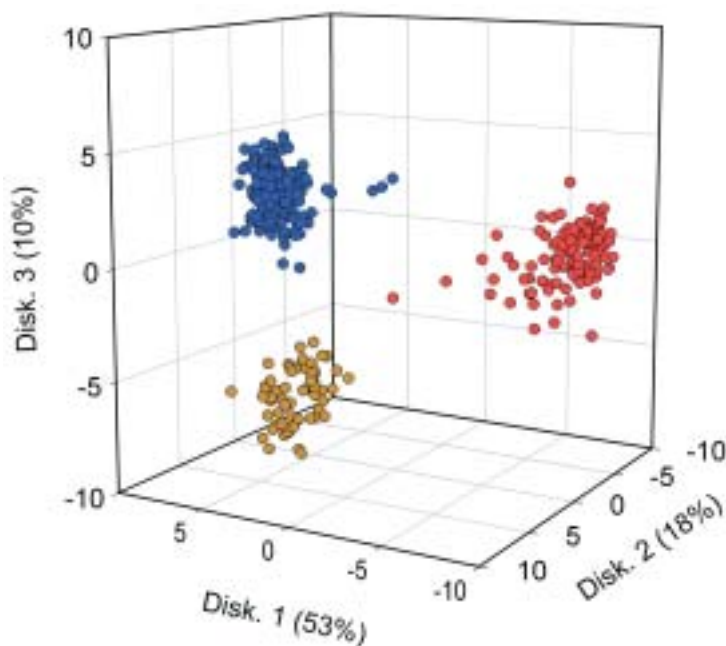


Abb. 9. Gruppierung von 20 Kleesorten basierend auf genetischen Markern und Verwandtschaftskoeffizienten. Ein kleiner Koeffizient bedeutet eine enge Verwandtschaft zwischen zwei Sorten. MZ = Mattenklee-Zuchtsorten, MH = Mattenklee-Hofsorten, AZ = Ackerklee-Zuchtsorten, Bombus = Weissklee.

Schweizer Anbaubedingungen in verschiedenen Regionen.

### Aufschlussreiche Verwandtschaften

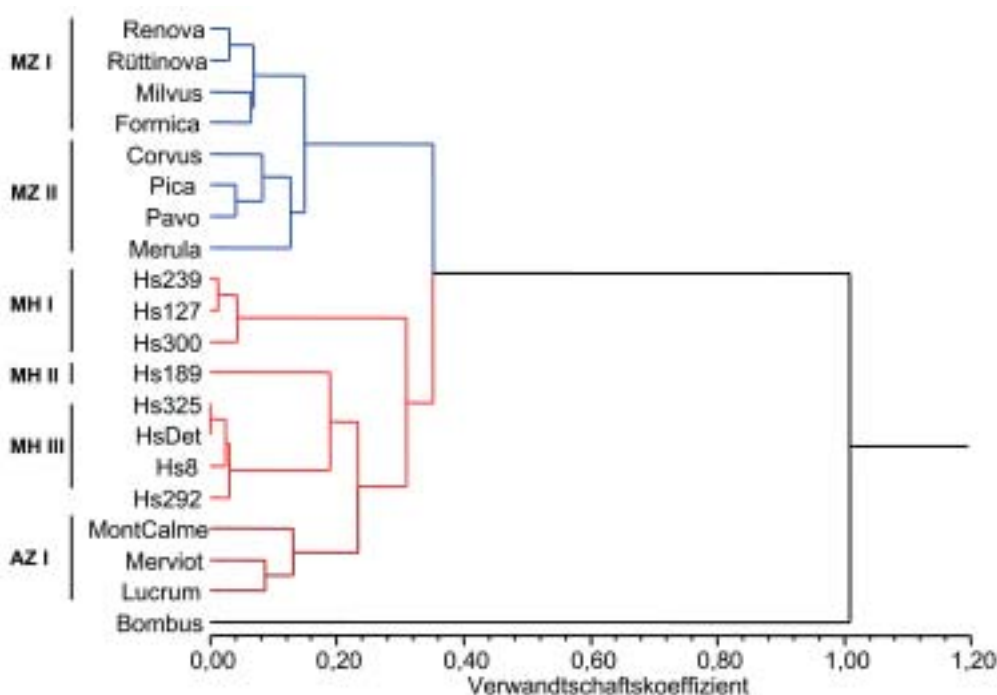
Die Mattenklee-Hofsorten zeigen eine etwas grössere Diversität untereinander als die Zuchtsorten und können wiederum in die drei Untergruppen MHI, MHII, MHIII aufgeteilt werden (Abb. 9). Um den Aufwand der Erhaltung zu minimieren, ist es

ein Bestreben, in allen Programmen, die sich um die Erhaltung genetischer Ressourcen bemühen, möglichst nur Herkünfte zu erhalten, die sich genetisch deutlich voneinander unterscheiden (Gilbert *et al.* 1999). Im Fall der hier untersuchten Mattenklee-Hofsorten könnte eine Herkunft pro Gruppe genügen, um die jeweilige genetische Diversität zu erhalten. Dies wird besonders deutlich bei den beiden Hofsorten

HS325 und HSDet, welche sich gemäss AFLP-Analysen kaum voneinander unterscheiden.

Vergleicht man die Gruppierung der Hofsorten gemäss Clusteranalyse (Abb. 9) mit ihrer geographischen Herkunft (Abb. 3), so finden sich einzelne Gruppen, wie zum Beispiel HS300, HS239 und HS127, die auch geographisch sehr nahe beieinander liegen. Andere hingegen, wie zum Beispiel HSDet und HS8, bilden zwar gemäss AFLP-Analysen eine genetisch enge Gruppe, ihre geographischen Herkünfte liegen jedoch weit auseinander. Eine geringe Übereinstimmung zwischen geographischer Herkunft und genetischer Diversität wurde auch bei anderen Arten beobachtet (Kölliker *et al.* 2001) und wird im Allgemeinen auf eine starke lokale Differenzierung und nicht auf eine graduelle Anpassung entlang eines geographischen Gradienten zurückgeführt (Fahima *et al.* 2002). Im Fall der Hofsorten könnten auch unterschiedliche Quellen des ursprünglichen Saatguts, unterschiedliche Selektionsintensitäten auf einzelnen Höfen und ein Austausch von Saatgut Ursachen für die geringe Übereinstimmung von geographischer Herkunft und genetischer Diversität sein.

Bei den Mattenklee-Zuchtsorten zeigten die Verwandtschaftskoeffizienten eine auffallende Übereinstimmung mit der züchterischen Abstammung der jeweiligen Sorten. Rüttinova zum Beispiel wurde direkt aus Renova gezüchtet und formt mit dieser auch in der Clusteranalyse eine enge Gruppe (Abb. 9). Auch Pica und Pavo, welche beide aus Mattenklee-Zuchtmaterial hervorgegangen sind, welches mit kroatischen Ökotypen ergänzt wurde (Boller 2000b), bilden eine enge Gruppe. Die beiden Untergruppen MZI und MZII trennen Mattenklee-Zuchtsorten, welche vor 1991 und solche



Tab. 1. Mittelwerte (Mittel) und Standardabweichungen (St. Abw.) morphologischer Parameter von 39 bis 54 Einzelpflanzen von acht Mattenklée-Hofsorten und zwei Mattenklée-Zuchtsorten. Mittelwerte mit unterschiedlichen Buchstaben sind signifikant unterschiedlich ( $P < 0,05$ ).

	Beginn der Blüte (Tage nach Stichtag)		Stängel: Länge		Blatt: Länge des mittleren Fiederbl.		Blatt: Breite des mittleren Fiederbl.		Blatt: Form (Verh. Länge zu Breite)	
	Mittel	St. Abw.	Mittel	St. Abw.	Mittel	St. Abw.	Mittel	St. Abw.	Mittel	St. Abw.
HS127	32,0 ab	9,46	95,4 c	13,65	52,8 ab	6,44	31,7 ab	3,88	1,68 ab	0,24
HS189	36,1 a	8,44	108,6 a	13,03	52,8 ab	6,71	32,7 a	4,64	1,64 ab	0,26
HS239	35,7 ab	9,17	102,5 ab	13,88	50,8 abc	6,08	31,1 ab	3,95	1,65 ab	0,23
HS292	32,1 ab	9,87	102,0 ab	16,05	54,5 a	7,82	32,2 a	3,23	1,70 ab	0,20
HS300	32,4 ab	10,32	97,9 bc	15,62	50,7 bc	8,12	32,3 a	5,35	1,60 b	0,32
HS325	35,1 ab	8,68	98,9 bc	12,84	48,2 c	6,61	29,7 b	3,91	1,64 ab	0,26
HS8	31,2 b	9,28	100,2 abc	13,52	53,5 ab	7,45	31,9 ab	5,45	1,71 ab	0,29
HSDet	35,7 ab	9,77	105,2 a	15,53	53,0 ab	8,41	32,8 a	5,27	1,64 ab	0,30
Milvus	36,4 a	9,1	106,3 a	14,3	54,3 a	5,8	31,0 ab	3,6	1,76 a	0,19
Renova	35,8 ab	9,9	101,2 abc	17,3	52,1 ab	6,6	31,0 ab	4,0	1,70 ab	0,28
Mittel der 8 Hofsorten	33,8	9,37	101,3	14,26	52,0	7,21	31,8	4,46	1,66	0,26

die nach 1991 züchterisch bearbeitet wurden. Interessanterweise fand gerade 1991 an der FAL, Reckenholz, ein Züchterwechsel statt, welcher sich offensichtlich auch auf die genetische Diversität der gezüchteten Sorten auswirkte.

### Diversität innerhalb der Sorten

Genetische Diversität innerhalb von Populationen und Sorten ist eine wichtige Voraussetzung für deren Fähigkeit, sich zu entwickeln und sich an veränderte Umweltbedingungen anzupassen. Die durchschnittliche genetische Diversität innerhalb der Mattenklée-Hofsorten war etwas höher als diejenige innerhalb der Mattenklée-Zuchtsorten. Die genetische Diversität innerhalb der Sorten variierte sowohl innerhalb der Mattenklée-Hofsorten als auch innerhalb der Mattenklée-Zuchtsorten stark. Die Sorte Renova zeichnete sich durch die höchste genetische Diversität aus. Bei Renova handelt es sich um eine besonders breit abgestützte, aus mehreren Zuchtpopulationen zusammengesetzte Sorte, was ihre sehr grosse genetische Diversität erklären könnte.

### Morphologische Diversität

Die Morphologische Diversität der acht Hofsorten wurde mittels der fünf Merkmale Beginn der Blüte, Stängellänge sowie Länge, Breite und Form des mittleren Fiederblättchens an je 39 bis 54 Einzelpflanzen erhoben. Alle Merkmale zeigten signifikante Unterschiede zwischen den Hofsorten (Tab. 1). Die Diversität von vier der fünf Merkmale, ausgedrückt durch die Standardabweichung, war innerhalb der Hofsorten im Mittel grösser als bei Milvus. Die ältere Sorte Renova wies ebenfalls eine höhere Diversität auf, was das Ergebnis der genetischen Untersuchung bestätigt.

Gruppiert man die Hof- und Zuchtsorten nach den morphologischen Kenngrössen, ergibt sich im Gegensatz zu den molekularen Daten keine deutliche Abgrenzung zwischen Mattenklée- Hof- und Zuchtsorten (Abb. 10). Die Hofsorte HS325 hebt sich deutlich von den anderen Hofsorten und den Zuchtsorten ab und zeigt sich nicht als ähnlich zur Hofsorte HSDet, von der sie in drei der fünf Merkmale signifikant abweicht (Tab. 1). Wie bei den genetischen Merk-

malen ist kein direkter Zusammenhang zwischen der Gruppierung aufgrund morphologischer Merkmale und nach der geographischen Herkunft festzustellen (Abb. 3). Die weitgehend fehlende Übereinstimmung der Ergebnisse aus morphologischen und genetischen Untersuchungen (Abb. 10) ist darauf zurückzuführen, dass mit diesen Methoden unterschiedliche Teile des Genoms analysiert werden. Zudem steht der geringen Anzahl morphologischer Merkmale eine grosse Anzahl genetischer Marker gegenüber.

### Agronomische Leistung

Von der Untersuchung agronomischer Eigenschaften der Hofsorten in Parzellenversuchen liegen erst vorläufige Ergebnisse vor, die auf eine hohe Variabilität der agronomischen Leistungsfähigkeit der Hofsorten hinweisen. Die Trockenmasse-Erträge der 20 untersuchten Hofsorten lagen im Mittel zwar unter dem Ertrag der Standard-Zuchtsorte Milvus. Die jeweils beste der Hofsorten schnitt aber bis zum dritten Schnitt des ersten Hauptnutzungsjahres besser ab als die Standard-Zuchtsorte. Erst im

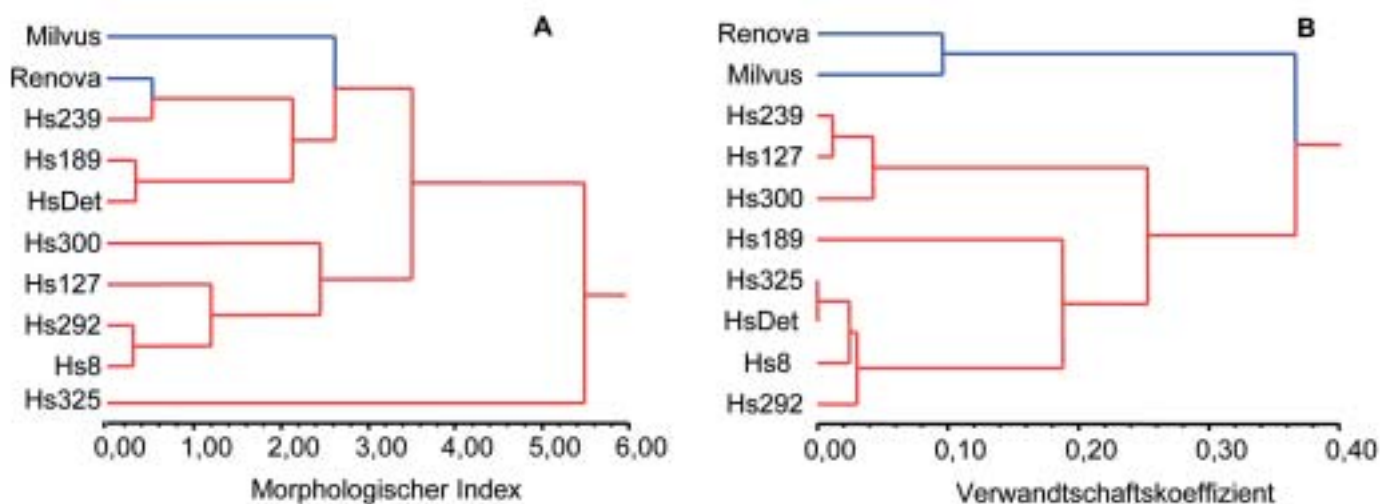


Abb. 10. Gruppierung von acht Mattenkleehofsarten (Hs) und zwei Mattenkleezuchtsorten basierend auf morphologischen Merkmalen (A) beziehungsweise auf genetischen Markern (B). Je tiefer die Indexzahl respektive der Koeffizient ist, desto enger ist die Verwandtschaft.

vierten und letzten Schnitt lagen die Werte aller Hofsorten unter jenen der Standardsorte. Die Hofsorten scheinen deutlich ausdauernder zu sein als die Zuchtsorte Mont Calme. Nach der zweiten Überwinterung boten die Bestände von Mont Calme das lückigste Bild, während die besten Hofsorten noch fast so vollständig da standen wie die Mattenkleezuchtsorte Milvus (Abb. 11). Die meisten Hofsorten dürften also bezüglich Ausdauer eine Zwischenstellung zwischen Ackerklee-

und Mattenkleezuchtsorten einnehmen. Die hohe Variabilität der Erträge verspricht Möglichkeiten für eine gezielte Auslese interessanter Genotypen.

#### Wertvolle Mattenkleehofsarten

Es ist uns gelungen, mit Hilfe von genetischen Markern Mattenkleehofsarten von Mattenkleee- und Ackerklee-Zuchtsorten zu unterscheiden. Die Mattenkleehofsarten bilden daher eine genetisch differenzierte Form von Rotklee. Sie zeichnen sich durch

eine grosse Diversität untereinander und gegenüber den anderen Rotkleearten aus. Die Mattenkleehofsarten stellen einen interessanten Genpool für die weitere züchterische Verbesserung von Mattenklee und für die Erhaltung der Biodiversität dar.

Die hier präsentierte Information über die genetische Diversität erleichtert eine effiziente Erhaltung und Nutzung der Mattenkleehofsarten. Es ist unsere Absicht, in näherer Zukunft alle noch vorhandenen Hofsorten



Abb. 11. Die Mattenkleehofsorte HSDet (links) zeigt einen ähnlich üppigen Bestand wie die Mattenkleezuchtsorte Milvus (rechts) im April nach der zweiten Überwinterung. Die Ackerklee-Zuchtsorte Mont Calme (Mitte) fällt dagegen durch einen lückigen Bestand auf. (Foto Beat Boller, FAL)



genetisch zu charakterisieren. Zudem werden wir Populationen von Wildklee in der Schweiz und aus dem potenziellen Ursprungsgebiet Flandern in unsere Untersuchungen einbeziehen, um die Herkunft unserer Mattenklee-Hofsorten zu klären.

## Literatur

- Boller B., 2000a. Altes und Neues vom schweizerischen Mattenklee, einer ausdauernden Form des Kultur-Rotklee. *Vierteljahrsschrift der Naturforschenden Gesellschaft Zürich* **145** (4), 143-151.
- Boller B., 2000b. Corvus und Pica, zwei neue, «sozialere» Mattenkleesorten. *Agrarforschung* **7** (10), 484-489.

- Fahima T., Roder M.S., Wendehake K., Kirzhner V.M. und Nevo E., 2002. Microsatellite polymorphism in natural populations of wild emmer wheat, *Triticum dicocoides*, in Israel. *Theoretical and Applied Genetics* **104** (1), 17-29.

- Gilbert J.E., Lewis R.V., Wilkinson M.J. und Calligari P.D.S., 1999. Developing an appropriate strategy to assess genetic variability in plant germplasm collections. *Theoretical and Applied Genetics* **98** (7), 1125-1131.

- Kölliker R., Jones E.S., Jahufer M.Z.Z. und Forster J.W., 2001. Bulked AFLP analysis for the assessment of genetic diversity in white clover (*Trifolium repens* L.). *Euphytica* **121** (3), 305-315.

- Kölliker R., Stadelmann F.J., Reidy B. und Nösberger J., 1999.

Genetic variability of forage grass cultivars: A comparison of *Festuca pratensis* Huds., *Lolium perenne* L. and *Dactylis glomerata* L. *Euphytica* **106** (3), 261-270.

- Nüesch B., 1976. Untersuchungen und Beobachtungen an Hofsorten des Schweizer Mattenklee. *Schweizerische Landwirtschaftliche Forschung* **15** (3/4), 401-410.

- Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., Vandelee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M. und Zabeau M., 1995. AFLP - a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* **23** (21), 4407-4414.

## RÉSUMÉ

### La diversité génétique dans les variétés de trèfles violets suisses

Pendant des décennies, des semences de trèfle violet (*Trifolium pratense* L.) ont été produites par les agriculteurs suisses. Grâce à cette production, un grand nombre de variétés de pays de trèfle violet, très bien adaptées aux conditions locales ont pu se développer. Bien que presque complètement oubliées, à peu près une centaine de ces variétés de pays ont été conservées. Malheureusement aucune information concernant la diversité génétique de ces variétés de pays n'était disponible jusqu'à présent. A l'aide de marqueurs génétiques (AFLP), nous avons pu montrer que les variétés de pays forment un groupe génétiquement distinct et qu'elles se différencient sensiblement des variétés de trèfle violet de longue durée et des variétés de trèfle violet de courte durée. Du fait de leur grande diversité, les variétés de pays constituent une importante ressource phylogénétique pour la sélection et l'amélioration de futures variétés de trèfle violet. En outre, la diversité des variétés de pays contribue également à la biodiversité des prairies et assure en cela une partie du maintien de la diversité biologique en Suisse. Parmi les huit variétés de pays analysées, trois groupes ont pu être différenciés. Des analyses morphologiques ont confirmé la grande diversité entre les variétés de pays et des essais agronomiques ont confirmé leur valeur pour la sélection des plantes fourragères. L'information présentée dans cet article sur la diversité génétique des variétés de pays de trèfle violet de longue-durée va aider à leur maintien et à une exploitation efficace.

## SUMMARY

### Genetic Diversity in Swiss Red Clover Germplasm

Decades of on farm red clover (*Trifolium pratense* L.) seed production led to numerous, well adapted, persistent red clover accessions, commonly referred to as Mattenklee landraces. Although not used any more in present day agriculture, seed lots of approximately 100 old landraces are still available. So far, there was no information on the genetic variability of these potentially valuable Mattenklee landraces. By means of genetic markers (AFLP) we were able to show that the Mattenklee landraces form a genetically distinct group and can be clearly separated from red clover cultivars. The large diversity of Mattenklee landraces shows their value for red clover breeding as well as for the preservation of biodiversity. The eight genetically characterised landraces were subdivided into three distinct groups. Analysis based on morphological characters confirmed the large diversity among Mattenklee landraces. Furthermore, the assessment of agronomic parameters emphasised their value for red clover breeding. The information on genetic diversity presented here allows for a more efficient conservation and utilisation of Mattenklee landraces.

**Key words:** Mattenklee landraces, genetic diversity, AFLP marker, agronomic characterisation