

Genetische Diversität in der Landwirtschaft

Roland Kölliker, Luisa Last, Felix Herzog und Franco Widmer
Agroscope, Institut für Nachhaltigkeitswissenschaften INH, 8046 Zürich, Schweiz
Auskünfte: Roland Kölliker, E-Mail: roland.koelliker@agroscope.admin.ch



Abb. 1 | Diversität innerhalb und zwischen Arten ist ein wichtiger Bestandteil landwirtschaftlicher Ökosysteme.
(Foto: Luisa Last, Agroscope)

Einleitung

Die Funktion und die Produktivität von landwirtschaftlichen Systemen wird massgeblich von der vorhandenen Biodiversität beeinflusst (Abb. 1). Diese kann in drei hierarchische Stufen eingeteilt werden: Ökosystemdiversität, Artendiversität und genetische Diversität (Vellend und Geber 2005; Abb. 2). Die genetische Diversität umfasst die Vielfalt der Gene und Allele innerhalb einer Art und bildet die Grundlage für die Vielfalt aller lebenden Organismen. Sie ist auch die Voraussetzung für die

Anpassung von Arten und Populationen an äussere Faktoren wie Umweltbedingungen oder Selektionsprozesse. Während die Bedeutung der Arten-Diversität allgemein anerkannt ist und auch der Einfluss der Landwirtschaft darauf intensiv untersucht wurde, gibt es nur sehr wenig Information über die genetische Vielfalt in landwirtschaftlichen Ökosystemen. Das Ziel dieser Studie war es deshalb, Methoden zu entwickeln und anzuwenden, mit denen die genetische Diversität auf landwirtschaftlichen Betrieben bestimmt werden kann. Diese Studie wurde im Rahmen des EU-Forschungsprojektes BioBio (EU FP7,

KKBBE-227161, www.biobio-indicator.org) durchgeführt, in welchem praxistaugliche Indikatoren für alle drei Stufen der Biodiversität entwickelt wurden (Herzog *et al.* 2012).

Genetische Diversität in der Landwirtschaft

Die genetische Diversität in landwirtschaftlichen Ökosystemen kann grundsätzlich in zwei Kategorien unterteilt werden:

- Die geplante Diversität umfasst die genetische Diversität innerhalb der angebauten Pflanzenarten und gehaltenen Tierarten (Vandermeer *et al.* 1998). Diese pflanzen- und tiergenetischen Ressourcen bilden die Grundlage für die landwirtschaftliche Produktion und werden durch die Landwirte bewusst gesteuert.
- Die assoziierte Diversität umfasst die Diversität innerhalb und zwischen Pflanzen- und Tierarten die zwar in landwirtschaftlichen Ökosystemen vorkommen, aber nicht gezielt angebaut oder gehalten werden (Biala *et al.* 2005).

Mehrfährige Wiesen und Weiden, wie sie in der Landwirtschaft Zentraleuropas häufig anzutreffen sind, nehmen bezüglich dieser Definition eine Mittelstellung ein. Zwar werden sie landwirtschaftlich genutzt, aber die vorhandene genetische Diversität wird höchstens am

Zusammenfassung

Genetische Diversität, die Vielfalt der Gene und Allele innerhalb einer Art, ist die grundlegendste Ebene der Biodiversität. Sie bildet eine wichtige Voraussetzung für die Produktivität und Nachhaltigkeit landwirtschaftlicher Produktionssysteme. Wir haben verschiedene Methoden entwickelt und angewendet, um die genetische Diversität auf landwirtschaftlichen Betrieben in Europa, der Ukraine und Uganda zu ermitteln. Eine auf Fragebogen basierende Umfrage auf insgesamt 203 Betrieben hat gezeigt, dass die genetische Diversität von angebauten Kulturpflanzen und gehaltenen Tieren sehr stark zwischen verschiedenen Regionen variiert und von den vorherrschenden Produktionssystemen abhängt. Um einen genaueren Einblick in die genetische Diversität von Grasland zu erhalten, haben wir 60 Populationen von Knautgras aus Bulgarien, Norwegen und der Schweiz mit molekulargenetischen Markern untersucht. Dabei hat sich gezeigt, dass diese Art eine sehr grosse Variabilität innerhalb der Populationen aufweist, die Unterschiede zwischen den Populationen aber eher gering sind.

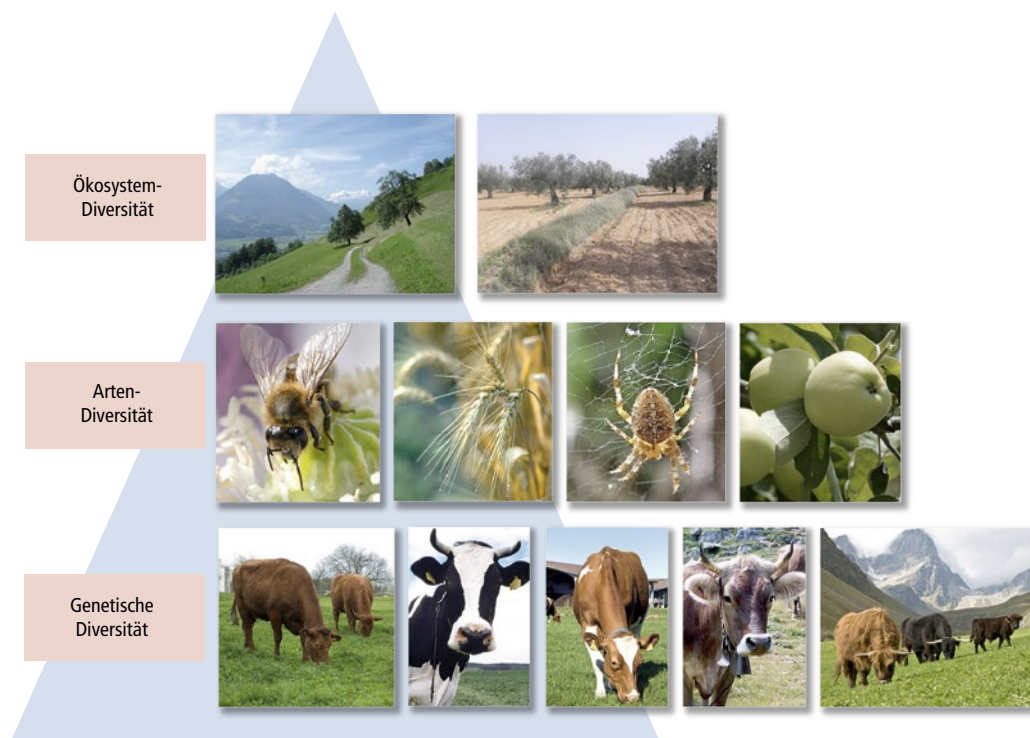


Abb. 2 | Die drei Ebenen der Biodiversität in der Landwirtschaft. (Fotos: Luisa Last, Agroscope [oben links], Salah Garchi, INRREF [oben rechts], Markus Zuber [Mitte rechts], Gabriela Brändle, Agroscope [übrige])

Anfang gezielt durch die Landwirte beeinflusst. Danach unterliegen sie mehrheitlich dem Einfluss von Umwelt und Bewirtschaftung. Vor allem eine hohe Bewirtschaftungsintensität kann sich negativ auf die genetische Diversität auswirken (Peter-Schmid *et al.* 2008).

Bestimmung der genetischen Diversität

Eine generelle Intensivierung der Landwirtschaft hat in den letzten Jahrzehnten die geplante Diversität innerhalb von Pflanzen- und Tierarten stark reduziert. So sind zum Beispiel in Deutschland oder Finnland fast alle der früher angebauten Getreide-Landsorten verschwunden (Hammer und Diederichsen 2009) und in Holland hat sich die Zahl der lokalen Rinderrassen in den letzten 30 Jahren um 95% verringert (Buiteveld *et al.* 2009). Obwohl einzelne Studien diesen Verlust dokumentieren, fehlen einfache, zuverlässige Methoden, um Veränderungen der genetischen Diversität in der Landwirtschaft genau verfolgen zu können. In dieser Studie haben wir einen Fragebogen entwickelt und angewendet, um eine grobe Schätzung der genetischen Diversität von Pflanzensorten und Tierrassen zu ermöglichen. Zudem haben wir den Einfluss von Bewirtschaftung und Umweltfaktoren auf die genetische Diversität von Knäulgras (*Dactylis glomerata*), einer häufigen Art in Wiesen und Weiden, mit Hilfe von molekulargenetischen Markern bestimmt.

Material und Methoden

Umfrage auf 203 Betrieben

Basierend auf Literaturangaben und einer Umfrage bei Experten und Interessengruppen des BioBio-Projektes wurde ein Fragebogen für die Erhebung der genetischen Diversität auf 203 Betrieben entwickelt. Dieser Fragebogen wurde im persönlichen Gespräch mit den Landwirten ausgefüllt und enthielt neben Angaben zu den jeweiligen Landwirtschaftssystemen detaillierte Fragen zu Name, Herkunft und Menge der angebauten Pflanzensorten und gehaltenen Tierrassen. Die Erhebungen wurden in 13 BioBio-Fallstudiengebieten (elf in Europa, eine in Uganda und eine in der Ukraine; Abb. 3) durchgeführt. Mit den erhobenen Daten wurden Diversitäts-Indikatoren wie Artendiversität, Sortendiversität, Anteil von Landsorten und die Anzahl von Schaf- und Rinderrassen pro Betrieb berechnet. Zusätzlich wurde der Anteil von seltenen Sorten und Rassen analysiert.

Genetische Diversität von Knäulgras

Für die detaillierte Analyse der genetischen Diversität in Grasland-Ökosystemen wurde mit Knäulgras eine Art gewählt, welche in drei Grasland-Fallstudiengebieten (Rhodopen/Bulgarien, Hedmark/Norwegen und Obwal-

den/Schweiz) vorkommt. In jedem Fallstudiengebiet wurden auf jeweils zehn Betrieben zwei Flächen beprobt. Pro Fläche wurde Blattmaterial von 32 Einzelpflanzen gesammelt und für die molekulargenetische Analyse verwendet. In der Schweiz wurden die Betriebe so gewählt, dass fünf biologisch (nach den Richtlinien von BioSuisse) und fünf konventionell bewirtschaftet wurden. Pro Betrieb wurde jeweils eine intensiv und eine extensiv bewirtschaftete Fläche ausgewählt. Zusätzlich zu den Blattproben wurden in der Schweiz pro Fläche 60 blühende Triebe geerntet und im Gewächshaus in Isolation abgeblüht. Das Saatgut wurde geerntet und die F_1 -Populationen wurden im Gewächshaus angezogen.

Die genetische Diversität der 60 Populationen aus den drei Fallstudiengebieten wurde mit 29 SSR (simple sequence repeat)-Markern bestimmt (Last *et al.* 2013). Die SSR-Markerprofile aller Einzelpflanzen wurden miteinander verglichen, und die genetische Diversität innerhalb und zwischen den verschiedenen Populationen und Fallstudiengebieten wurde ermittelt. Als Maß für die genetische Diversität innerhalb der Populationen wurde die durchschnittlich zu erwartende Heterozygotität (H_E) und die Genotypendiversität nach Shannon (H'_S) verwendet. Der Einfluss der Bewirtschaftung wurde mit Hilfe von Korrelationsanalysen und multivariater Statistik untersucht.

Für die Bestimmung der phänotypischen Diversität von Knäulgras wurde in Zürich-Reckenholz ein Feldversuch durchgeführt. Jeweils 60 Pflanzen der 20 F_1 -Populationen und von den zwei Referenzsorten «Reda» und «Beluga» wurden in Reihen zu zehn Pflanzen komplett



Abb. 3 | Die 13 BioBio-Fallstudiengebiete, in denen mittels Fragebogen die angebauten Pflanzensorten und die gehaltenen Tierrassen erhoben wurden (www.biobio-indicator.org).

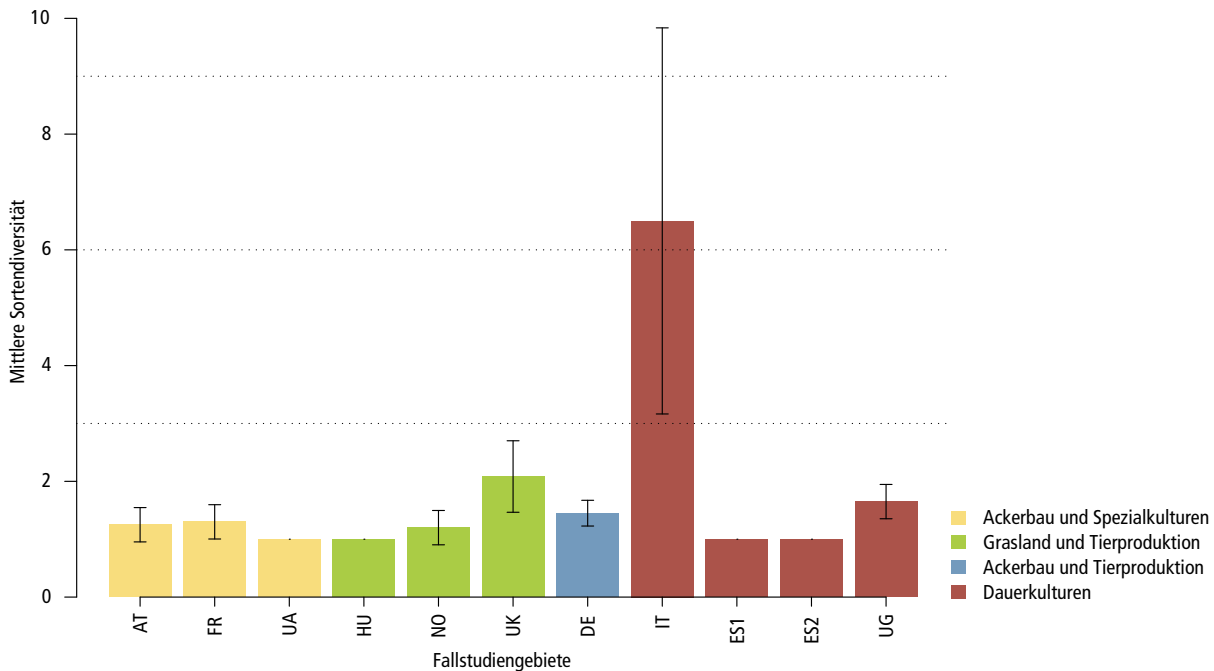


Abb. 4 | Mittlere Sortendiversität pro Fallstudiengebiet.

randomisiert angebaut. Zehn phänotypische Merkmale wie Wachstumstyp, Blühzeitpunkt oder Rostresistenz wurden erhoben, und die Populationen wurden bezüglich der Mittelwerte und der Variationskoeffizienten miteinander verglichen.

Resultate

Sorten- und Rassendiversität variieren stark

Die Umfrage zur genetischen Diversität dauerte im Durchschnitt etwa 50 Minuten pro Betrieb. Von den 203 befragten Betrieben bauten 174 Acker- und Spezialkulturen oder Kunstwiesen an. Diese Betriebe wurden für die Berechnung der Pflanzen-Diversitäts-Indikatoren berücksichtigt. Insgesamt wurden 91 verschiedene Pflanzenarten aufgenommen. Die mittlere Anzahl Arten pro Fallstudienregion variierte von eins (IT) bis elf (DE). In Italien waren die Betriebe geprägt vom Weinanbau, und andere Arten wie Oliven oder Hartweizen wurden nur auf einzelnen Betrieben angebaut. In Deutschland hingegen herrschten gemischtwirtschaftliche Betriebe mit Acker- und Futterbau vor, was zu einer signifikant größeren Anzahl Pflanzenarten pro Betrieb führte.

Die mittlere Sortendiversität, also die Anzahl Sorten dividiert durch die Anzahl an Kulturpflanzenarten, lag pro Fallstudiengebiet zwischen eins (ES, HU, UA) und 6,5 (IT; Abb. 4). Während fast die Hälfte der

Betriebe nur eine Sorte pro Art anbauten, lag die Sortendiversität auf einem Weinbaubetrieb in Italien bei 15. Um bedrohte Sorten besser zu berücksichtigen, wurde in der Schweizer Fallstudie auch die Anzahl seltener Apfelsorten erhoben. Basierend auf der Liste der bedrohten Sorten (www.prospecierara.ch) wurden elf seltene Apfelsorten wie Klarapfel, Blauacher oder Bohnapfel (Abb. 5) aufgenommen. Mehr als 50 % aller angebauten Apfelsorten wurden als selten klassiert. In den elf europäischen Fallstudiengebieten wurden nur sechs Landsorten angebaut. In Uganda hingegen wurden 31 % aller angebauten Sorten als Landsorten bezeichnet während von 21 % die Herkunft als unbekannt angegeben wurde.

Die durchschnittliche Anzahl der Rinder- und Schafsrassen war mit fünf Rassen in der Schweiz und 4,5 Rassen in Wales (UK) signifikant höher als in allen übrigen Fallstudiengebieten. den meisten Betrieben war die Produktion auf eine Rasse pro Art ausgerichtet.

Grosse Diversität von Knautgras in Europa

Mit den 29 SSR-Markern konnten über alle analysierten Knautgras-Pflanzen 257 unterschiedliche Allele detektiert werden. Die genetische Diversität (durchschnittlich zu erwartende Heterozygotität, HE) innerhalb der einzelnen Populationen war in allen drei Fallstudiengebieten sehr hoch und variierte von 0,44 bis 0,59. Die HE war



Abb. 5 | Seltene Apfelsorten: Klarapfel, Blauacher, Bohnapfel (von links nach rechts). (Fotos: Markus Zuber)

in Norwegen mit 0,54 signifikant höher als in Bulgarien (0,52), während die HE in der Schweiz mit 0,53 dazwischen lag. Trotz der grossen Diversität innerhalb der Populationen konnten zwischen 62 % (Bulgarien) und 91 % (Schweiz) der einzelnen Pflanzen den entsprechenden Fallstudiengebieten zugeordnet werden. Eine Clusteranalyse basierend auf den Markerhäufigkeiten pro Fallstudiengebiet gruppierte die Schweizer Knäulgraspopulationen zusammen mit jenen aus Norwegen, während die Populationen aus Bulgarien eine eigene Gruppe bildeten (Abb. 6A). Diese Gruppierung stimmte nicht überein mit der Gruppierung der Standorte basierend auf der geographischen Distanz (Abb. 6B).

Bewirtschaftung und genetische Diversität

Wie schon für den Vergleich der Fallstudiengebiete beobachtet, war die genetische Diversität innerhalb der Populationen auch in der Schweiz sehr gross. Nur gerade 4 % der beobachteten Diversität wurde verursacht durch Unterschiede zwischen den Populationen, während die

restliche Diversität innerhalb der Populationen beobachtet wurde. Dies führte dazu, dass die einzelnen Populationen nicht aufgetrennt werden konnten und dass auch kein Einfluss der Bewirtschaftung auf die Populationsdifferenzierung beobachtet werden konnte (Abb. 7). Hingegen hatte das Bewirtschaftungssystem (biologisch vs. konventionell) einen Einfluss auf die genetische Diversität (HE), und die intensive Bewirtschaftung führte zu einer signifikant verringerten Genotypen-Häufigkeit (HG; Tab. 1). Alle anderen untersuchten Standortparameter (Artenzusammensetzung, Lage und Exposition der Probenflächen) zeigten keinen Einfluss auf die genetische Diversität der Populationen.

Die phänotypische Charakterisierung der F_1 -Populationen zeigte, dass sich die Populationen bezüglich ihrer agronomischen Merkmale deutlich unterscheiden und dass die Bewirtschaftungsintensität einen starken Einfluss auf die mittlere Merkmalsausprägung der Populationen hatte (Abb. 8). Rund 21 % der phänotypischen Unterschiede zwischen den Populationen wur-

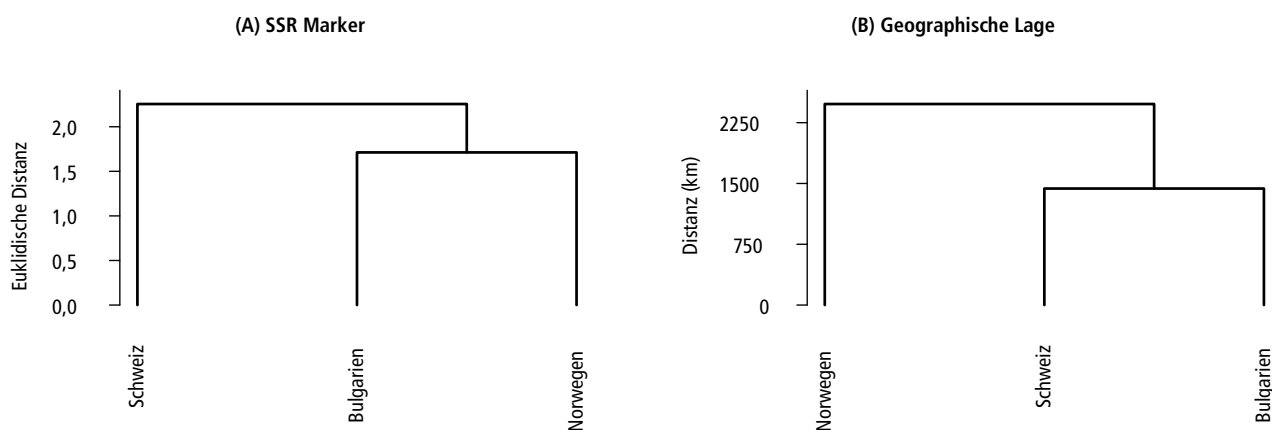


Abb. 6 | Clusteranalyse der drei Fallstudiengebiete in Bulgarien, Norwegen und der Schweiz basierend auf den SSR-Analysen der gesammelten Knäulgraspopulationen (A) und den geographischen Distanzen der Sammelregion (B).

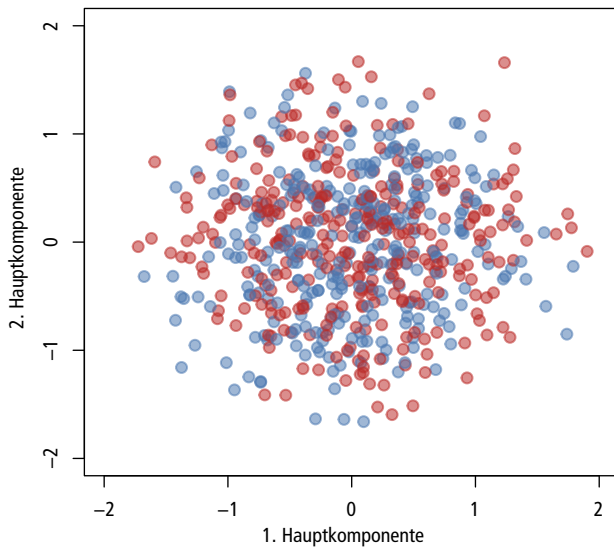


Abb. 7 | Hauptkomponenten-Analyse von 640 Knaulgraspflanzen aus der Schweiz basierend auf 29 SSR-Markerprofilen: Die Bewirtschaftung hat keinen Einfluss auf die Populationsdifferenzierung (blau: intensive Bewirtschaftung, rot: extensive Bewirtschaftung).

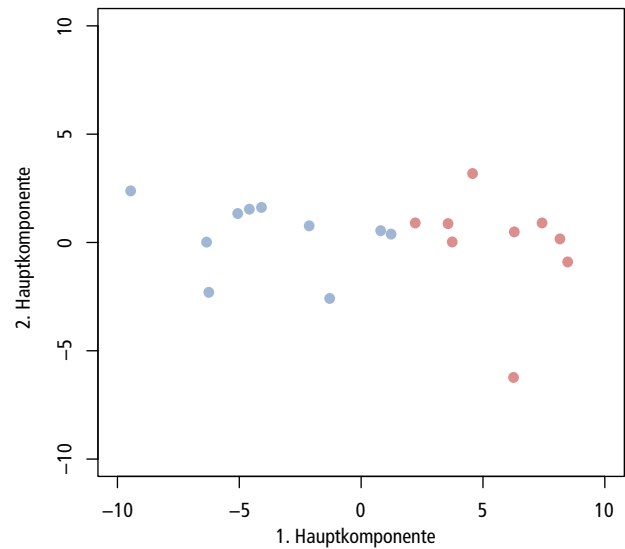


Abb. 8 | Hauptkomponenten-Analyse von 20 Knaulgraspopulationen basierend auf zehn phänotypischen Merkmalen: Die Bewirtschaftung hat einen starken Einfluss auf die mittlere Merkmalsausprägung der Populationen (blau: intensive Bewirtschaftung, rot: extensive Bewirtschaftung).

den durch die unterschiedliche Bewirtschaftungsintensität erklärt. Pflanzen von extensiv bewirtschafteten Flächen waren kürzer, hatten kürzere Blütenstände und der Blühzeitpunkt war signifikant früher im Vergleich zu Populationen von intensiven Standorten (Tab. 2). Auch die Variabilität der einzelnen Merkmale, berechnet als Variationskoeffizienten, wurde signifikant von der Bewirtschaftungsintensität beeinflusst. Allerdings waren die Unterschiede nur für den Blühzeitpunkt signifikant (Tab. 2).

Diskussion und Schlussfolgerungen

Geeignete Indikatoren

Die auf Umfragen basierenden Indikatoren für genetische Diversität, die in dieser Studie erarbeitet wurden, stellen eine zuverlässige und einfache Möglichkeit dar,

die Diversität von Pflanzenarten, Pflanzensorten und Tierrassen auf Landwirtschaftsbetrieben zu erfassen und so die Veränderung der genetischen Diversität zu überwachen. Die Messung und Interpretation der Indikatoren ist in Factsheets detailliert beschrieben (<http://www.biobio-indicator.org/genetic-indicators.php?>). Um die Qualität der Daten zu erhöhen, sollte der Fragebogen an die jeweilige Fragestellung angepasst werden und die lokalen Gegebenheiten (vorherrschende Landwirtschaftssysteme) berücksichtigen. Die relativ geringe Anzahl von Pflanzensorten auf den Betrieben und das fast vollständige Fehlen von Landsorten wurde auch weltweit für die wichtigsten Ackerkulturen beobachtet (Jarvis *et al.* 2008; Veteläinen *et al.* 2009). Die einheitlicheren Zuchtsorten erlauben zwar eine höhere Rentabilität durch vereinfachte Produktionsmethoden, der Verlust der Landsorten kann aber zu einer erheblichen

Tab. 1 | Einfluss von Bewirtschaftungssystem und Bewirtschaftungsintensität auf die durchschnittlich zu erwartende Heterozygotität (HE) und die Genotypendiversität (HG) von 20 Knaulgraspopulationen. Signifikante Unterschiede sind mit * ($p < 0,05$) und ** ($p < 0,01$) gekennzeichnet.

	System		Intensität	
	konventionell	biologisch	intensiv	extensiv
H_e	0,530**	0,521**	0,531	0,527
H_g	3,367	3,395	3,347*	3,416*

Tab. 2 | Einfluss der Bewirtschaftungsintensität auf Mittelwert und Variabilität (Variationskoeffizient) phänotypischer Merkmale von 20 Knautgras F₁-Populationen. Signifikante Unterschiede ($p < 0,05$) sind mit * gekennzeichnet

Merkmal	Mittelwert		Variationskoeffizient	
	Bewirtschaftungsintensität			
	intensiv	extensiv	intensiv	extensiv
Wachstumstyp (Note 1–9)	5,93	6,06	12,79	12,15
Blühzeitpunkt (Tage nach 15. April)	24,12*	21,09*	22,96*	32,27*
Wachstumstyp zur Blüte (Note 1–9)	5,71	5,89	19,14	18,32
Stengellänge (cm)	90,24*	83,54*	16,72	16,99
Internodienlänge (cm)	35,73*	33,83*	21,1	21,77
Fahnenblattlänge (cm)	21,90*	19,62*	28,28	31,35
Fahnenblattbreite (cm)	1,04*	0,97*	30,88	31,33
Blütenstandlänge (cm)	18,98*	17,82*	21,38	21,83
Wüchsigkeit (Note 1–9)	6,32	5,76	14,47	12,39
Rostresistenz (Note 1–9)	2,35	2,40	52,91	51,79

genetischen Erosion führen. Um den Verlust vor allem seltener Sorten und Rassen zu verhindern, wäre eine internationale Datenbank von grossem Vorteil. Bis jetzt existieren nur verschiedene lokale Datenbanken in einzelnen Ländern, was einen regionalen oder globalen Vergleich erschwert.

Einfluss der Bewirtschaftung auf die Vielfalt

Unsere Untersuchungen an Knautgras haben eine sehr grosse Diversität innerhalb der einzelnen Populationen gezeigt, während die Unterschiede zwischen den Fallstudiengebieten klein und zwischen den einzelnen Populationen vernachlässigbar sind. Dies ist typisch für fremdbefruchtende Grasarten und wurde auch für Raigras, Wiesenrispe und Wiesenschwingel gezeigt (Peter-Schmid *et al.* 2008; Rudmann-Maurer *et al.* 2007). Die hohe Diversität innerhalb der Populationen könnte auch ein Grund dafür sein, dass das Bewirtschaftungssystem und die Bewirtschaftungsintensität nur einen sehr kleinen Einfluss auf die Populationsdifferenzierung hatte, da diverse Populationen oft auch eine bessere Anpassungsfähigkeit aufweisen (Frankham *et al.* 2002).

Einfache Bestimmung der genetischen Diversität

Während Umfragen einen einfachen, aber nur sehr oberflächlichen Zugang zur genetischen Diversität erlauben, bieten molekulargenetische Analysen sehr genaue Resultate, sind aber mit beträchtlichem Aufwand verbunden. Während für Wiesenschwingel ein Zusammenhang zwischen Artenvielfalt und Graslandtyp nachgewiesen werden konnte (Peter-Schmid *et al.* 2010), war dies in dieser Studie für Knautgras nicht der Fall. Einfache, indirekte Indikatoren für genetische Diversität werden daher wohl nicht für alle Arten bereitgestellt werden können. Hingegen deuten Entwicklungen im Bereich der Gen- und Genomsequenzierung darauf hin, dass solche Methoden in Zukunft für ein gross angelegtes Screening genetischer Diversität verwendet werden können (Glenn 2011). ■

Riassunto

Diversità genetica nell'agricoltura

La diversità genetica, ossia la varietà dei geni o degli alleli in una specie, è alla base della biodiversità e costituisce un importante presupposto per la produttività e la sostenibilità dei sistemi produttivi agricoli. Abbiamo sviluppato e applicato diversi metodi per determinare la diversità genetica presente nelle aziende agricole in Europa, Ucraina e Uganda. Un sondaggio basato su di un questionario, effettuato su un totale di 203 aziende, ha mostrato che la diversità genetica di piante coltivate e animali allevati varia notevolmente tra le diverse regioni ed è strettamente correlata al sistema di produzione predominante. Per avere una visione più precisa della diversità genetica della superficie erbosa, abbiamo analizzato 60 popolazioni di dattile provenienti dalla Bulgaria, dalla Norvegia e dalla Svizzera con marcatori genetico-molecolari. Quest'analisi ha mostrato che questa specie presenta una grande variabilità all'interno delle popolazioni, tuttavia le differenze tra le varie popolazioni si sono dimostrate piuttosto esigue.

Literatur

- Biala K., Peeters A., Muys B., Hermy M., Brouckaert V. et al., 2005. Biodiversity indicators as a tool to assess sustainability levels of agro-ecosystems, with a special consideration of grassland areas. *Options Méditerranéennes. Série A: Séminaires Méditerranéens* 67, 439–443.
- Buiteveld J., van Veller M.G.P., Hiemstra S.J., ten Brink B. & Tekelenburg T., 2009. An exploration of monitoring and modelling agrobiodiversity: From indicator development towards modelling biodiversity in agricultural systems on the sub-specific level. CGN/DLO Foundation, Wageningen, The Netherlands, Zugang: <http://edepot.wur.nl/51240> [22.10.2013]
- Frankham R., Ballou J.D. & Briscoe D.A., 2002. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK. 617 S.
- Glenn T.C., 2011. Field guide to next-generation DNA sequencers. *Molecular Ecology Resources* 11 (5), 759–769.
- Hammer K. & Diederichsen A., 2009. Evolution, status and perspectives for landraces in Europe. In: *European landraces: On-farm conservation management and use* (Eds. M. Veteläinen, V. Negri & N. Maxted). Biodiversity International, Italy, Rome, 23–44.
- Herzog F., Balázs K., Dennis P., Friedel J., Geijzendorffer I. et al., 2012. Biodiversity indicators for European farming systems. A guidebook. *ART-Schriftenreihe* 17, 1–99.
- Jarvis D.I., Brown A.H.D., Cuong P.H., Collado-Panduro L., Latournerie-Moreno L. et al., 2008. A global perspective of the richness and evenness of traditional crop-variety diversity maintained by farming communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105 (14), 5326–5331.

Summary

Genetic diversity in agriculture

Genetic diversity – the variety of genes and alleles within a species – constitutes the most basic level of biodiversity, and is an important prerequisite for productivity and sustainability in agricultural production systems. We have developed and applied various methods to determine genetic diversity on farms in Europe, Ukraine and Uganda. A questionnaire-based survey conducted on a total of 203 farms has shown that the genetic diversity of crops and livestock varies greatly between different regions, and depends upon the prevailing production systems. In order to obtain a more accurate insight into the genetic diversity of grassland, we studied 60 populations of orchard grass from Bulgaria, Norway and Switzerland with molecular genetic markers. In doing so, we learned that although this species exhibits a very large variability within the populations, the differences between the populations tend to be minor.

Key words: genetic diversity, indicators, grassland.

- Last L., Widmer F., Fjellstad W., Stoyanova S. & Kölliker R., 2013. Genetic diversity of natural orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.) populations in three regions in Europe. *BMC Genetics* 14, 102.
- Peter-Schmid M., Boller B. & Kölliker R., 2008. Habitat and management affect genetic structure of *Festuca pratensis* but not *Lolium multiflorum* ecotype populations. *Plant Breeding* 127 (5), 510–517.
- Peter-Schmid M., Kölliker R. & Boller B., 2010. Genetic diversity of *Festuca pratensis* Huds. and *Lolium multiflorum* Lam. ecotype populations in relation to species diversity and grassland type. In: *Grassland Biodiversity: Habitat Types, Ecological Processes and Environmental Impacts* (Eds. J. Runas & T. Dahlgren). Nova Science Publishers, New York. 377 S.
- Rudmann-Maurer K., Weyand A., Fischer M. & Stocklin J., 2007. Microsatellite diversity of the agriculturally important alpine grass *Poa alpina* in relation to land use and natural environment. *Annals of Botany* 100 (6), 1249–1258.
- Vandermeer J., van Noordwijk M., Anderson J., Ong C. & Perfecto I., 1998. Global change and multi-species agroecosystems: Concepts and issues. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 67 (1), 1–22.
- Vellend M. & Geber M.A., 2005. Connection between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters* 8, 767–781.
- Veteläinen M., Negri V. & Maxted N., 2009. European landraces: On-farm conservation management and use. Biodiversity International, Rome, Italy, 358 S.