

Entwicklung von Energiemaissorten für die Mischkultur mit Stangenbohnen

Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades
der Fakultät für Agrarwissenschaften
der Georg-August-Universität Göttingen

vorgelegt von
Christopher Hoppe
geboren in Flensburg

Göttingen, Juli 2015

D 7

1. Referentin/Referent: Prof. Dr. Heiko Christian Becker

2. Korreferentin/Korreferent: Prof. Dr. Rolf Rauber

Tag der mündlichen Prüfung: 23. Juli 2015

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....	I
Abkürzungsverzeichnis.....	III
Tabellenverzeichnis.....	IV
Abbildungsverzeichnis.....	VI
1. Einleitung.....	1
1.1. Entwicklung von Biogasproduktion und Maisanbau in Deutschland (2006-2014).....	1
1.2. Mais in Mischkultur mit Bohnen.....	5
1.3. Zielsetzung dieser Arbeit.....	8
2. Material und Methoden.....	9
2.1. Versuchsaufbau.....	9
2.1.1. Feldversuchsdesign.....	11
2.2. Pflanzenmaterial.....	11
2.3. Standorte und Versuchsjahre.....	13
2.4. Aussaat und Behandlungen.....	14
2.5. Erfasste Merkmale.....	15
2.5.1. Frischmasseertrag (FME).....	15
2.5.2. Trockensubstanzgehalt (TSG) und Trockenmasseerträge (TME).....	16
2.5.3. Korrigierter Ertrag (koEr).....	16
2.5.4. Reifekorrigierter Ertrag (RekoE).....	17
2.5.5. Weitere Merkmale.....	17
2.6. Selektionsparameter.....	20
2.7. Selektionserfolg.....	21
2.8. Statistische Analyse.....	21
3. Ergebnisse.....	25
3.1. Mittel- und Maximalerträge.....	25
3.2. Bohnenertragsanteil.....	26
3.3. C/N Analysen.....	27
3.4. Variation der Testkreuzungen 2012 und Selektion.....	28
3.4.1. Varianzanalysen und Merkmalskorrelationen.....	28
3.4.2. Selektion von Testhybriden.....	34
3.5. Variation der Testkreuzungen 2013 und Selektion.....	39
3.5.1. Varianzanalysen und Merkmalskorrelationen.....	39
3.5.2. Selektion von Testhybriden.....	48

3.6.	Variation der Experimentalhybriden 2014 und Selektion.....	53
3.6.1.	Varianzanalysen und Merkmalskorrelationen.....	53
3.6.2.	Bewertung der Experimentalhybriden.....	60
3.7.	Allgemeine (GCA) und spezifische (SCA) Kombinationseignung.....	65
3.8.	RekoE als Selektionsmerkmal.....	68
3.9.	Erwarteter Selektionserfolg - Indirekte versus direkte Selektion.....	69
4.	Diskussion.....	74
4.1.	Praktische Erfahrungen mit der Mischkultur.....	74
4.2.	Bohnen und Maiserträge.....	79
4.3.	Reifekorrigierter Ertrag (RekoE) als Selektionsmerkmal.....	81
4.4.	Transmittierte Strahlung durch den Maisbestand und Chlorophyllgehalt als Selektionsmerkmale.....	82
4.5.	Wird ein spezielles Zuchtprogramm für die Entwicklung von Energiemaissorten für den Anbau in MK benötigt?.....	85
5.	Zusammenfassung.....	91
6.	Literaturverzeichnis.....	94
7.	Anhang.....	99
8.	Danksagung.....	125
9.	Erklärungen.....	126

Abkürzungsverzeichnis

EEG	Erneuerbare-Energien-Gesetz
FME	Frischmasseertrag
GCA	Allgemeine Kombinationseignung
koEr	Korrigierter Ertrag
MK	Mischkultur
NIRS	Nahinfrarotspektroskopie
PAR	Photosynthetisch aktive Strahlung
RA	Reinanbau
RA7,5	Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m ²)
RekoE	Reifekorrigierter Ertrag
SCA	Spezifische Kombinationseignung
TKG	Tausendkorngewicht
TME	Trockenmasseertrag
TSG	Trockensubstanzgehalt

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Substratkosten bezogen auf Methan (beispielhaft, für mittlere bis günstige Anbauvoraussetzungen bei Nährstoffrückführung; Moeser, 2013).....	3
Tabelle 2: Versuchsdesign mit Standorten, Versuchsanlage, Anzahl der Prüfglieder und Standards.....	11
Tabelle 3: Prüfglieder und Standards 2012 und 2013 (F=Flint, D=Dent, T=Tester, S = Standard).....	11
Tabelle 4: Maisexperimentalhybriden in 2014 (F = Flint, D = Dent).....	12
Tabelle 5: Verwendete Stangenbohnsensorten (<i>Phaseolus vulgaris L.</i>) und einige Eigenschaften.....	13
Tabelle 6: Versuchsstandorte: Lage, Bodenart und Klimadaten (unterstrichene Versuche wurden in die Auswertungen mit aufgenommen).....	14
Tabelle 7: Mittel- und Maximalerträge der Testhybriden (2012, 2013, Reifekorrigierte Erträge [dt/ha], Relativwerte in Klammern).....	25
Tabelle 8: Mittel- und Maximalerträge der Experimentalhybriden (2014, Reifekorrigierte Erträge [dt/ha], Relativwerte in Klammern).....	26
Tabelle 9: Ertragsanteil Bohne 2012-2014 (gemittelte Werte, 18-20 Proben je Jahr/Standort/Bohnsorte).....	26
Tabelle 10: Ergebnisse der C/N Analyse 2012-2014 (Mittelwerte über 18 - 20 Proben, Doppelbestimmung).....	27
Tabelle 11: Flint- und Denttesthybriden mit Standards im Reinanbau und in Mischkultur: Wiederholbarkeit, Grenzdifferenz, Mittelwert aller bonitierten Merkmale (Einbeck, 2012).....	29
Tabelle 12: Korrelationsmatrix Flint- und Denttesthybriden mit Standards im Reinanbau und in Mischkultur aller bonitierten Merkmale (Einbeck, 2012).....	31
Tabelle 13: Varianzanalyse der Flinntesthybriden mit Standards über die Varianten Reinanbau und Mischkultur (Einbeck, 2012).....	32
Tabelle 14: Varianzanalyse der Denttesthybriden mit Standards über die Varianten Reinanbau und Mischkultur (Einbeck, 2012).....	33
Tabelle 15: Zusammenfassung aller selektierten Prüfglieder in 2012.....	34
Tabelle 16: Flint- und Denttesthybriden im RA und in MK: Wiederholbarkeit, Grenzdifferenz, Mittelwert aller bonitierten Merkmale (Einbeck und Göttingen, 2013).....	40
Tabelle 17: Korrelationsmatrix Flint- und Denttesthybriden im Reinanbau und in Mischkultur aller bonitierten Merkmale (Einbeck, Göttingen 2013).....	41
Tabelle 18: Varianzanalyse der Flinntesthybriden im Reinanbau über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013).....	42
Tabelle 19: Varianzanalyse der Flinntesthybriden in Mischkultur über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013).....	43
Tabelle 20: Varianzanalyse der Denttesthybriden im Reinanbau über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013).....	45
Tabelle 21: Varianzanalyse der Denttesthybriden in Mischkultur über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013).....	46
Tabelle 22: Zusammenfassung aller selektierten Mutterlinien in 2013.....	48
Tabelle 23: Experimentalhybriden im RA und in MK: Wiederholbarkeit, Grenzdifferenz, Mittelwert aller bonitierten Merkmale (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014).....	54
Tabelle 24: Korrelationsmatrix der Experimentalhybriden 2014.....	55
Tabelle 25: Varianzanalyse der Experimentalhybriden in Mischkultur und Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m ²) über die Standorte (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014).....	57
Tabelle 26: Varianzanalyse der Experimentalhybriden in Mischkultur und Reinanbau (10 Maispflanzen/m ²) über die Standorte (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014).....	58
Tabelle 27: Varianzanalyse der Experimentalhybriden in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m ²) und Reinanbau (10 Maispflanzen/m ²) über die Standorte (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014).....	59
Tabelle 28: Varianzanalyse GCA und SCA der Experimentalhybriden (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014).....	66
Tabelle 29: GCA und SCA der Experimentalhybriden für den reifekorrigierten Ertrag [dt/ha] (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014).....	67
Tabelle 30: Selektion der besten 20 Genotypen anhand verschiedener Methoden (2012, Standort: Einbeck).....	68
Tabelle 31: Korrelation RekoE und koEr (2012, Standort: Einbeck).....	68
Tabelle 32: Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen der Flinntesthybriden 2012.....	69
Tabelle 33: Vergleich direkter und indirekter Selektion der Flinntesthybriden 2012.....	70
Tabelle 34: Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen der Denttesthybriden 2012.....	71
Tabelle 35: Vergleich direkter und indirekter Selektion der Denttesthybriden 2012.....	71

Tabelle 36: Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen der Experimentalhybriden 2014	72
Tabelle 37: Vergleich direkter und indirekter Selektion	73
Tabelle 38: Fehlgeschlagener Versuch: Göttingen, 2012	99
Tabelle 39: Varianzanalyse Flinttesthybriden mit Standards im Reinanbau (Einbeck, 2012)	100
Tabelle 40: Varianzanalyse Flinttesthybriden mit Standards in Mischkultur (Einbeck, 2012)	101
Tabelle 41: Varianzanalyse Denttesthybriden mit Standards im Reinanbau (Einbeck, 2012)	102
Tabelle 42: Varianzanalyse Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur (Einbeck, 2012)	103
Tabelle 43: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Reinanbau (Einbeck, 2013)	104
Tabelle 44: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Neckarkönigin“ (Einbeck, 2013)	105
Tabelle 45: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Bobis a grano nero“ (Einbeck, 2013)	106
Tabelle 46: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit Anellino verde (Einbeck, 2013)	107
Tabelle 47: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Reinanbau (Göttingen, 2013)	108
Tabelle 48: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Neckarkönigin“ (Göttingen, 2013)	109
Tabelle 49: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Bobis a grano nero“ (Göttingen, 2013)	110
Tabelle 50: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit Anellino verde (Göttingen, 2013)	111
Tabelle 51: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Mischkultur (Einbeck, 2014)	112
Tabelle 52: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Einbeck, 2014)	113
Tabelle 53: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Einbeck, 2014)	114
Tabelle 54: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Mischkultur (Göttingen, 2014)	115
Tabelle 55: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Göttingen, 2014)	116
Tabelle 56: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Göttingen, 2014)	117
Tabelle 57: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Mischkultur (Eutingen, 2014)	118
Tabelle 58: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Eutingen, 2014)	118
Tabelle 59: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Eutingen, 2014)	119
Tabelle 60: Varianzanalyse Experimentalhybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, Eutingen, 2014)	120
Tabelle 61: Varianzanalyse Experimentalhybriden in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Einbeck, Göttingen, Eutingen, 2014)	121
Tabelle 62: MQanalyse Experimentalhybriden in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Einbeck, Göttingen, Eutingen, 2014)	122
Tabelle 63: Original Prüfgliedbezeichnung (OPG) 2012 + Prüfgliedbezeichnung in dieser Dissertation	123
Tabelle 64: Original Prüfgliedbezeichnung (OPG) 2013/14 + Prüfgliedbezeichnung in dieser Dissertation	124

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Bestandsentwicklung Biogasanlagen in Deutschland (2006-2014), (FNR e.V., 2014).....	2
Abbildung 2: Entwicklung der Maisanbaufläche in der Deutschland (2006 - 2014), (FNR e.V., 2014).....	3
Abbildung 3: Maisflächenanteile 2012 in Niedersachsen, (Schütte, 2013).....	4
Abbildung 4: Mais mit Stangenbohne in Mischkultur (Göttingen, 2013).....	6
Abbildung 5: Versuchsaufbau (F = Flint, D = Dent, T = Tester, sel = selektiert).....	10
Abbildung 6: Aussaat der Bohnen (Göttingen, 2013).....	15
Abbildung 7: Messpunkte für Jugendentwicklung, Höhe, SPAD und SunScan innerhalb der beiden Reihen einer Maisparzelle.....	18
Abbildung 8: Beispiel für einen Selektionsplot - Flinttesthybriden im Reinanbau (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfglied-bezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	20
Abbildung 9: Selektionsplot - Flinttesthybriden im Reinanbau (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfglied-bezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	35
Abbildung 10: Selektionsplot - Flinttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfglied-bezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	36
Abbildung 11: Selektionsplot - Denttesthybriden im Reinanbau (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfglied-bezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	37
Abbildung 12: Selektionsplot - Denttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfglied-bezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	38
Abbildung 13: Selektionsplot - Flintesthybriden im Reinanbau (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	49
Abbildung 14: Selektionsplot - Flinttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	50
Abbildung 15: Selektionsplot - Denttesthybriden in Reinanbau (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	51
Abbildung 16: Selektionsplot - Denttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	52
Abbildung 17: Prüfglied 8.9 (links) mit hoher Standfestigkeit an allen Standorten (Göttingen, 2014).....	61
Abbildung 18: Selektionsplot - Experimentalhybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014) (MK =Mischkultur, RA = Reinanbau, [Zahl] = Prüfglied (Elterndentlinie.Elternflintlinie), Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	62
Abbildung 19: Selektionsplot - Experimentalhybriden in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m ²) (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014) (MK =Mischkultur, RA = Reinanbau, [Zahl] = Prüfglied (Elterndentlinie.Elternflintlinie), Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	63
Abbildung 20: Selektionsplot - Experimentalhybriden in Reinanbau (10 Maispflanzen/m ²) (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014) (MK =Mischkultur, RA = Reinanbau, [Zahl] = Prüfglied (Elterndentlinie.Elternflintlinie), Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).....	64
Abbildung 21: Bohnenpflanze entwickelt sich zu schnell und schnürt den Mais ein (Göttingen, 2013).....	76
Abbildung 22: Trockenmasseerträge (TME) und Trockensubstanzgehalte (TSG) verschiedener Bohnensorten ([Zahl] = Sorte; 1 = Neckarkönigin (entspricht 100 %), 2 = Bobis a grano nero, 3 = Anellino verde; geändert nach Köhler 2014 Bachelorarbeit, unveröffentlicht).....	78

1. Einleitung

1.1. Entwicklung von Biogasproduktion und Maisanbau in Deutschland (2006-2014)

Das Prinzip einer Biogasanlage ist, aus biogenem Material Energie in Form von Biogas zu produzieren. Dabei können eine Vielzahl von Materialien eingesetzt werden: Bioabfall, Tierdung, Gülle, Holzhackschnitzel, Abfälle aus der Landschaftspflege und vieles mehr. Der in diesen Materialien enthaltene Kohlenstoff wird durch Fermentation zu Biogas umgesetzt. Im Anschluss wird das im Biogas enthaltene Methan durch Verbrennung zur Erzeugung von elektrischem Strom und/oder Wärme genutzt.

Ein Nutzen dieser Technik zur kommerziellen Stromproduktion durch Kleinunternehmer war in der Bundesrepublik vor 1991 nicht möglich, da die Netzbetreiber den Zugang zu ihren Stromnetzen blockierten. Dies änderte sich mit dem „Gesetz über die Einspeisung von Strom aus erneuerbaren Energien in das öffentliche Netz“ vom 7. Dezember 1990 (SEG, 1990). Es ermöglichte kleinen Unternehmen einen Zugang zum Stromnetz und sicherte Ihnen Mindestvergütungen durch die Netzbetreiber zu.

Am 29. März 2000 wurde es durch das „Erneuerbare-Energie-Gesetz“ (EEG) ersetzt, welches unter anderem die Vergütungen für Energie aus Biogas erhöhte und eine garantierte Vergütungsdauer von 20 Jahren zusicherte (EEG, 2000). Weitere Novellen in den Jahren 2004 und 2009 führten dazu, dass für Landwirte ein Einsatz ihrer Feldfrüchte in der Biogasproduktion lukrativer schien als in der herkömmlichen Vermarktung. Landwirte, die bisher die Ernte an den Landhandel abgaben oder im eigenen Betrieb verfütterten, wurden zu „Energiewirten“, welche Biogasanlagen errichteten, die eigene Ernte konservierten und in der Biogasanlage verwerteten. So kam es zu einer schnellen Zunahme der installierten elektrischen Leistung sowie der Anzahl an Biogasanlagen in der Bundesrepublik (s. Abbildung 1).

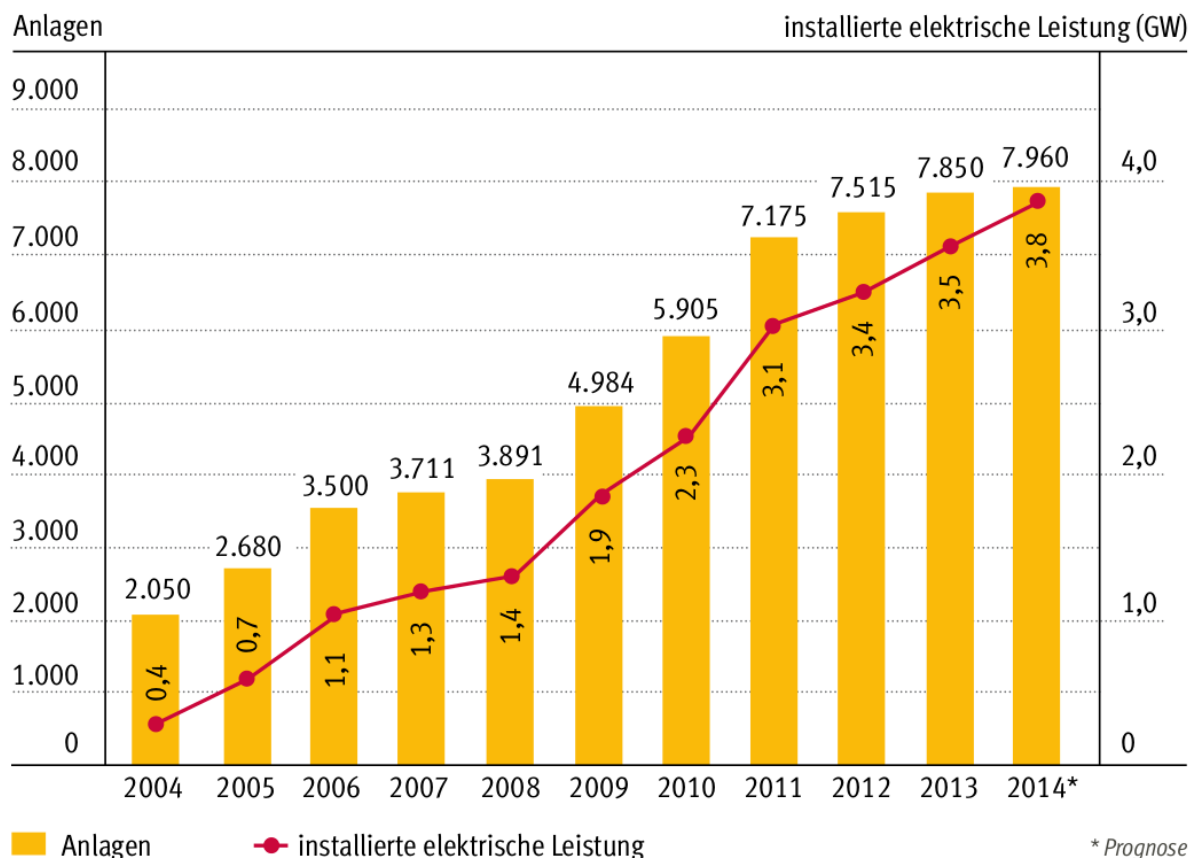


Abbildung 1: Bestandsentwicklung Biogasanlagen in Deutschland (2006 - 2014), (FNR e.V., 2014)

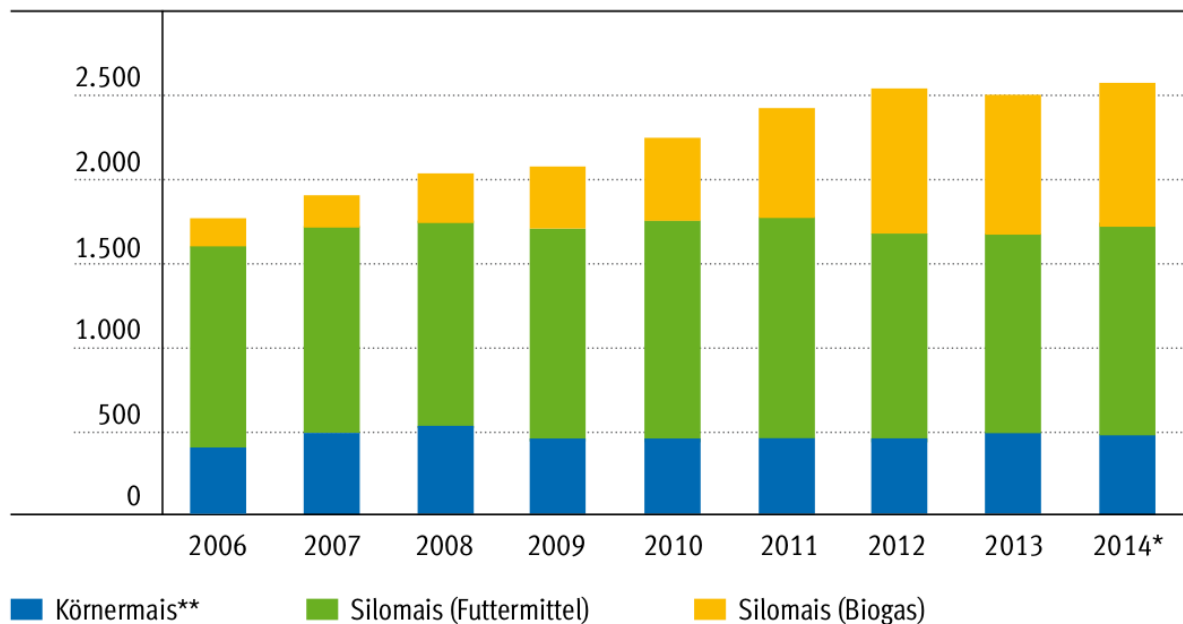
Obwohl Biogasanlagen eine Vielzahl an Substraten aufnehmen können, entschieden sich die Landwirte zunehmend für Mais (*Zea mays* L.). Mais war den meisten Landwirten durch den Anbau als Silomais weitreichend vertraut und kann bei wenig Herbizidapplikationen, ohne weitere Pflanzenschutzmaßnahmen, und nur einem Erntetermin sehr hohe Trockenmasseerträge erzielen. Dies ist wichtig, da die Methanausbeute eng mit der Trockenmasse korreliert ist (Stolzenburg, 2012). Pflanzenzuchtunternehmen wie die KWS SAAT AG erkannten die steigende Nachfrage nach Mais und etablierten ein Energiemaiszuchtprogramm (KWS, 2015). Hierfür wurden sehr leistungsstarke, italienische Genpools mit kältetoleranten, deutschen Genpools zu spätreifen Hybriden mit ausgezeichneter Jugendentwicklung kombiniert. Im Anschluss wurden Kurztagsgene aus peruanischem und mexikanischem Zuchtmaterial eingekreuzt, wodurch das vegetative Wachstum extrem stimuliert wurde (Eder und Papst, 2004). Die Leistung dieser Energiemaisarten führte zu sehr geringen Kosten pro Kubikmeter Methan (s. Tabelle 1). Zusätzlich kann Mais durch seinen relativ geringen Wasserverbrauch an vielen Standorten angebaut werden. Die oben genannten Eigenschaften machten Mais schnell zum attraktivsten nachwachsenden Rohstoff für den Betrieb von Biogasanlagen mit einem Anteil von 73 % im Jahr 2013. Dies bestätigt auch die Zunahme der Energiemaisfläche in Deutschland auf über

800.000 ha im Jahr 2012 (s. Abbildung 2) (FNR e.V., 2014). Zusammen mit Silomais und Körnermais lag die gesamte Maisanbaufläche in 2013 über 2,49 Mio. ha (FNR e.V., 2014), welche einem Anteil an der landwirtschaftlichen Ackerfläche in Deutschland von 21 % entsprach.

Tabelle 1: Substratkosten bezogen auf Methan (beispielhaft, für mittlere bis günstige Anbauvoraussetzungen bei Nährstoffrückführung; Moeser, 2013)

Substrat	Substratkosten Methan [€/m ³]
Silomais	0,30
Roggen - Ganzpflanzensilage	0,34
Roggen - Ganzpflanzensilage + Gras Zwischenfrucht	0,35
Grünschnittroggen + Mais	0,38
Roggen - Korn	0,39
Gersten - Ganzpflanzensilage + Sorghum Zwischenfrucht	0,39
Grünland	0,40
Ackergras	0,42
Energierübe	0,42

in 1.000 ha



* Prognose; ** ca. 85 % Futtermittel, 6 % Industrie (Stärke), 5 % Energie (Ethanol), 3 % Verluste, 1 % Saatgut

Abbildung 2: Entwicklung der Maisanbaufläche in der Deutschland (2006 - 2014), (FNR e.V., 2014)

Allerdings sind die Anbauflächen nicht gleichmäßig über die Bundesrepublik verteilt. Dies wird am Beispiel von Niedersachsen deutlich (s. Abbildung 3). In Regionen wie dem südlich gelegenen Landkreis Göttingen kann Mais mit einem Flächenanteil von unter 10 % durchaus zur Artenvielfalt in der Fruchtfolge beitragen. In Regionen mit hoher Tierveredelung und Biogasanlagendichte kommt es zur Etablierung von Maismonokulturen mit Maisflächenanteilen von über 50 % wie im nordwestlich gelegenen Landkreis Cloppenburg.

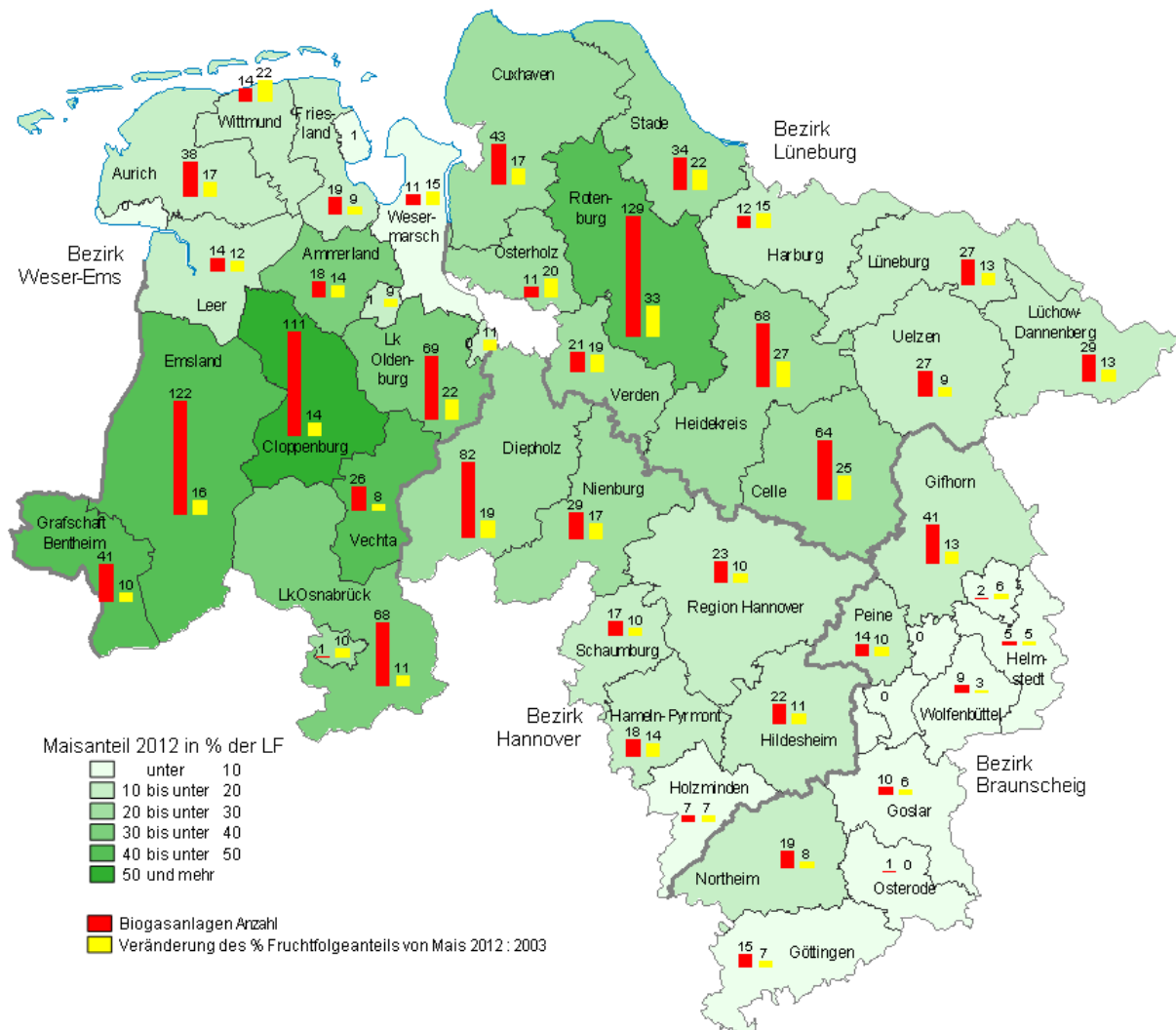


Abbildung 3: Maisflächenanteile 2012 in Niedersachsen (Schütte, 2013)

Besonders die Maismonokulturen gerieten immer mehr ins öffentliche Interesse und führten zu einer Bewegung gegen den (Energie-)maisbau. Am 25. Mai 2007 tauchte erstmals der Begriff „Vermaisung“ auf (Die Welt, 2007) und umfasst mittlerweile eine Vielzahl von Faktoren. Neben ökologischen Gesichtspunkten wie die Gefährdung von Vogelarten (Bundesamt für Naturschutz, 2014), der Zunahme von Grünlandumbrüchen (NABU, 2008) und Bodenerosion (Umweltbundesamt, 2015) werden auch ökonomische Probleme wie eine Erhöhung der Pachtpreise (Luick, *et al.*, 2008) oder eine Landschaftsveränderung mit

möglicher negativer Beeinflussung der Tourismusbranche (Rode, 2013) betont. Hinzu kommen ethische Argumente wie die „Teller-oder-Tank-Diskussion“, die große Probleme in der Konkurrenz zwischen Energierohstoffherstellung und Nahrungsmittelproduktion sieht (Agentur für Erneuerbare Energien, 2013).

Berücksichtigung fand die öffentliche Meinung in einer erneuten Novelle des EEG, dem „EEG 2012“. Hier wurde mit Paragraph 27 der sogenannte „Maisdeckel“ für Anlagen mit einer Inbetriebnahme nach dem 1. Januar 2012 beschlossen (EEG, 2012). Laut § 27 bestand ein Anspruch auf Förderung nur, wenn der zur Erzeugung des Biogases eingesetzte Anteil von Mais (Ganzpflanze) und Getreidekorn einschließlich Corn-Cob-Mix, Körnermais sowie Lieschkolbenschrot in jedem Kalenderjahr insgesamt höchstens 60 Masseprozent betrug.

Es folgte ein kleiner Rückgang in der Maisanbaufläche (s. Abbildung 2). Am 1. August 2014 trat das zurzeit geltende „EEG 2014“ in Kraft und bremste den Neubau von Biogasanlagen ab (s. Abbildung 1). Es verpflichtet neu in Betrieb genommene Anlagen mit einer installierten Leistung von mehr als 500 kW zur Direktvermarktung des produzierten Stroms und sieht eine Beschränkung des Zubaus von 100 MW/Jahr vor. Bei Überschreiten dieser Grenze sinken die Fördersätze. Stärker gefördert wird der Einsatz von Abfall und Reststoffen (EEG, 2014). Für 2015 rechnet das deutsche Maiskomitee mit einer Energiemaisfläche von 912.000 ha (DMK, 2015).

1.2. Mais in Mischkultur mit Bohnen

Es stellt sich die Frage, ob und wie der Maisanbau ökologischer gestaltet und die Diskussion um den Maisanbau entschärft werden kann. Eine Möglichkeit ist der Anbau von Mais in Mischkultur (MK). Mischkulturen ermöglichen bei einer geeigneten Zusammensetzung der Mischkulturpartner eine bessere Ausnutzung von Ressourcen (Willey, 1979) bei gleichzeitiger Erhöhung der Biodiversität. Anbauversuche in Deutschland von Mais mit Sonnenblumen oder Wildpflanzen konnten in ersten Versuchen nicht überzeugen (Pekrun *et al.*, 2014), da es vermehrt zu Konkurrenz um Wasser kam.

Die MK von Stangenbohne (*Phaseolus vulgaris* L.) mit Mais (s. Abbildung 4) zur Nahrungsmittelproduktion ist hingegen in den Tropen etabliert und weit verbreitet (Willey, 1979; Hamblin und Zimmermann, 1986). Die Proteinmuster beider Pflanzen ergänzen sich und führen zu einer höheren biologischen Wertigkeit des Proteins. Auf dem Feld dient der Mais als Stütze der Stangenbohne und die Rhizobien der Stangenbohne fixieren Stickstoff aus der Luft, der teilweise vom Mais (van Kessel *et al.*, 1985; Pleasant, 2006) oder von

nachfolgenden Kulturen genutzt werden kann. Des Weiteren bieten die Blüten der Stangenbohne eine Nektarquelle für Insekten. Eine besondere Form der Mais-Stangenbohne-MK stellt die „Milpa“ dar, welche ausgehend von den Maya in Mittelamerika seit vielen Jahrhunderten betrieben wird. Zusätzlich zu Mais und Stangenbohne wird Kürbis als Bodendecker angebaut, wodurch Erosion und Verdunstung verringert werden (Pleasant, 2006).



Abbildung 4: Mais mit Stangenbohne in Mischkultur (Göttingen, 2013)

Ein europäisches Beispiel für den Anbau von Mais mit Bohnen bietet die Steiermark, wo Käferbohnen (*Phaseolus coccineus*) und Mais in MK zur Körnerproduktion auf 600 - 1000 ha jährlich angebaut werden (Schmidt, 2013; Alwera, 2015).

Untersuchungen mit Bezug auf eine Verwendung von Silage zur Tierfütterung führten Dawo *et al.* (2007, 2009) in England durch. Sie konnten den Rohproteinерtrag/ha durch MK mit Stangenbohne (13,5 dt/ha) im Vergleich zu einer reinen Maissilage (10,7 dt/ha) signifikant erhöhen (Dawo *et al.*, 2007). Weiterhin erzielten sie eine höhere Biomasseleistung in der MK

(136 dt/ha) verglichen mit dem Reinanbau (RA) von Mais (130 dt/ha) (Dawo *et al.*, 2009). Allerdings waren die Mehrerträge nicht signifikant und bei beiden Arbeiten lagen die Maximalerträge unter 137 dt/ha Trockenmasse.

Ein hoher Bohnenanteil bei hohen Biomasseerträgen ist derzeit das Ziel der Forschungsarbeiten am Thünen-Institut für ökologischen Landbau in Wetterau. Hier wird aktuell an der Optimierung der MK von Mais mit Bohne, sowie einer Überprüfung der Silageeigenschaften geforscht (Fischer und Böhm, 2013a,b). Dabei konnten bisher Steigerungen der Rohproteingehalte von 7 % im RA auf 9 % in MK erreicht werden (Fischer und Böhm, 2013b). Aktuelle Forschungsarbeiten mit dem Schwerpunkt Mais und Stangenbohnen zur Biogasproduktion finden zur Zeit unter ökologischen sowie konventionellen Bedingungen an der Universität Kassel und an der Hochschule für Wirtschaft und Umwelt Nürtingen-Geislingen statt. Dabei werden unter anderem die optimalen Bestands- und Aussaatdichten, Biomasseertrags- und Methanerträge sowie verschiedene Beikrautregulierungsmaßnahmen untersucht (Kassel, 2015; Pekrun *et al.*, 2012, 2014). Bisherige Ergebnisse mit kommerziell erhältlichen Maissorten zeigen Erträge der MK von bis zu 96 % im Vergleich zum RA von Mais (Pekrun *et al.*, 2012, 2014).

Die Notwendigkeit von Mais und Bohnensorten mit spezieller Eignung für die MK wurde in den Tropen bereits erkannt (Davis und Garcia, 1983). Somit stellt sich die Frage, ob auch in Deutschland speziell auf Mischkultureignung gezüchtete Mais- und Bohnensorten die Leistungen der MK weiter steigern können.

Auf Seiten der Bohne ist ebenfalls eine spezielle Eignung für den Anbau in MK unwahrscheinlich, da sie in Deutschland als Gemüse verwendet und gezüchtet wurde. So stehen in den Sortenempfehlungen für den Stangenbohnenanbau neben Resistenzen gegen Pathogene vor allem Fruchtform, -farbe und Frühreife (Sachsen, 2004) an Stelle einer hohen Gesamtbiomasse im Vordergrund. Des Weiteren findet der Anbau hauptsächlich im Privatbereich statt und belief sich im kommerziellen Bereich auf nur 150,7 ha in 2014 (Statistische Bundesamt, 2015). So wird seit 2002 die Stangenbohne nicht mehr in den Listen des Bundessortenamts geführt (BSA, 2001). Weiterhin lassen sich durch die geringe Anbaufläche praktische Zuchtprogramme nur schwer rechtfertigen.

Der Mais hingegen ist als Silo- und Energiemais bereits in der Vergangenheit auf einen hohen Biomasseertrag gezüchtet worden und wird in großen Zuchtprogrammen bearbeitet. Da er den Hauptertragsbildner in der MK bildet, ist davon auszugehen, dass selbst kleine Änderungen auf Seiten des Mais große Effekte auf den Gesamtertrag haben.

1.3. Zielsetzung dieser Arbeit

Die hohen Erträge der Mais-Stangenbohnen-MK in bisherigen Experimenten wurden mit bereits zugelassenen Sorten erzielt. Allerdings fand eine Eignungsprüfung für die MK in den Zuchtprogrammen dieser Sorten zu keiner Zeit statt. Daher war es zunächst wichtig zu klären, ob spezielle Genotypen den Gesamttrockenmasseertrag in MK gegenüber der Maisreinsaat erhöhen können. Dies würde bedeuten, dass spezielle Zuchtschritte/-programme erforderlich wären, um das Maximum an Ertrag in der MK zu erzielen.

Daher waren die Zielsetzungen dieser Arbeit:

1. Eine Überprüfung, ob speziell angepasste Maisgenotypen für die MK mit Stangenbohnen für die Biogasproduktion benötigt werden.
2. Eine Selektion geeigneter Energiemaishybriden für die MK mit Stangenbohnen für eine Sortenzulassung beim Bundessortenamt.

Zu diesem Zweck wurden Genotypen aus dem aktuellen Energiemaissprogramm der KWS SAAT AG zweijährig sowohl im RA als auch in MK mit Stangenbohnen angebaut und bewertet. Aus den selektierten Linien wurden anschließend Hybriden erstellt, welche sowohl im RA als auch in MK evaluiert wurden. Begleitende Untersuchungen zur Beschattung der Bohnen durch den Mais, eine Messung der Chlorophyllgehalte des Maises, sowie ein Vergleich der Proteingehalte von Mais in RA und MK sollten dabei helfen, die Interaktion von Mais und Stangenbohnen zu verstehen.

2. Material und Methoden

2.1. Versuchsaufbau

Bei den verwendeten Maisgenotypen handelte es sich um aktuelles Zuchtmaterial des Energiemaisprogramms der KWS SAAT AG. Untersucht wurden Linien der Genpools Flint (Hartmais) und Dent (Zahnmais). Ebenso wurden Standards/Kontrollgenotypen verwendet. Dabei handelte es sich um zugelassene Hybridsorten oder Hybriden, deren Eigenschaften weitreichend bekannt sind. Sie wurden durch die KWS SAAT AG zusätzlich zu diesen Versuchen an weiteren Standorten angebaut und ermöglichten eine Vergleichbarkeit des hier verwendeten Materials mit den „aktuellen“ Sorten.

Für die Versuche im Jahr 2012 wurden je 90 Testhybriden je Genpool (Flint oder Dent) erstellt (s. Abbildung 5). Alle 90 Elternlinien des Flintpools wurden als Mutterlinie dafür mit demselben Denttester gekreuzt (ebenso 90 Dentlinien mit demselben Flinttester).

Aus technischen Gründen war zu diesem Zeitpunkt des Experiments ein Tester immer die Vaterlinie. Alle Testhybriden wurden 2012 sowohl im Reinanbau (10 Maispflanzen/m²) als auch in Mischkultur (7,5 Maispflanzen/m² und 7,5 Bohnenpflanzen/m²) mit der Stangenbohnsorte „Neckarkönigin“ angebaut. Gemäß ihrer Leistung wurden die 20 besten Mutterlinien für jedes Anbausystem selektiert.

Ende des ersten Versuchsjahres lagen somit 20 Flint- und 20 Dentlinien je Anbausystem vor. Diese wurden im Winterzuchtgarten mit einem Tester des anderen Genpools gekreuzt. Der Tester war im zweiten Jahr ein anderer als im ersten Jahr. In beiden Genpools war der Tester wieder die Vaterlinie.

Diese Testhybriden wurden im folgenden Jahr in dem Anbausystem angebaut, in dem sie im Vorjahr selektiert wurden. In der Mischkultur wurden im zweiten Versuchsjahr die Testhybriden jeweils mit den Stangenbohnsorten „Neckarkönigin“, „Bobis a grano nero“ und „Anellino verde“ angebaut.

Es folgte eine Selektion von 5 Flint- bzw. Dentlinien je Anbausystem. Bei den Flintlinien aus der Mischkultur wurden aus versuchstechnischen Gründen 4 Genotypen selektiert. Hintergrund ist die Verunreinigung einer Kreuzung im Winterzuchtgarten 2013.

Im Winterzuchtgarten wurden die 5 Flint- und Dentlinien, welche im Reinanbau selektiert wurden, faktoriell miteinander gekreuzt. Gleiches gilt für die 4 Flint- und 5 Dentlinien aus der Mischkultur. Mutterlinie war dabei immer eine Dentlinie, Vaterlinie eine Flintlinie.

So entstanden 45 Experimentalhybriden, welche im letzten Versuchsjahr sowohl in Reinanbau mit 7,5 Maispflanzen/m² und 10 Maispflanzen/m² als auch in Mischkultur mit „Anellino verde“ untersucht wurden. Es gilt zu beachten, dass bei den vorliegenden Versuchen in den ersten zwei Versuchsjahren Flint- bzw. Dentelternlinien auf Grund der Leistung ihrer Nachkommen (Testhybride) selektiert wurden. Zusätzlich enthielten die Versuche Standardgenotypen (s. 2.2).

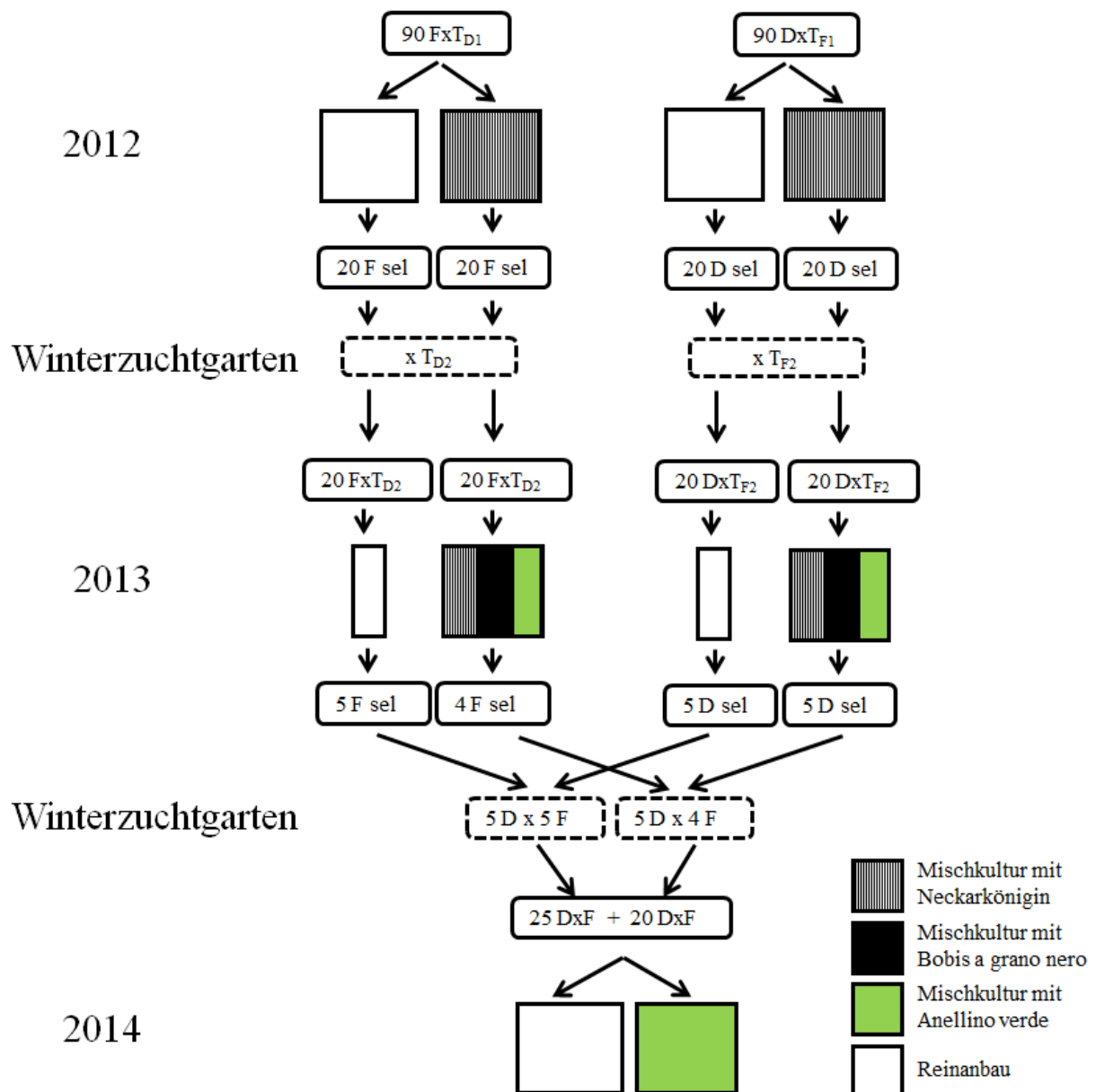


Abbildung 5: Versuchsaufbau (F = Flint, D = Dent, T = Tester, sel = selektiert)

2.1.1. Feldversuchsdesign

Die Versuche wurden als Gitterversuche mit zwei Wiederholungen an drei Standorten angelegt. In jedem Jahr wurden in beiden Anbausystemen zusätzlich zu den Test-/Experimentalhybriden Standards mitgetestet. Die Parzellen waren zweireihig mit 6 m Länge und 75 cm Reihenabstand. Getrennt waren die einzelnen Bete durch Wege mit 1 m Breite.

Tabelle 2: Versuchsdesign mit Standorten, Versuchsanlage, Anzahl der Prüfglieder und Standards

Jahr	Standorte	Versuchsanlage ^a	Einzelne Versuchsteile (exkl. Standards)	Standards ^b
2012	Einbeck Göttingen Gruckling	10 x 10	90 FxT _{D1} Reinanbau ^f 90 FxT _{D1} Mischkultur ^{c,g} 90 DxT _{F1} Reinanbau ^f 90 DxT _{F1} Mischkultur ^{c,g}	10
2013	Einbeck Göttingen Eutingen	7 x 7	20 FxT _{D2} + 20 DxT _{F1} Reinanbau ^f 20 FxT _{D2} + 20 DxT _{F1} Mischkultur ^{c,g} 20 FxT _{D2} + 20 DxT _{F1} Mischkultur ^{d,g} 20 FxT _{D2} + 20 DxT _{F1} Mischkultur ^{e,g}	9
2014	Einbeck Göttingen Göttelfingen	7 x 7	45 Experimentalhybriden Reinanbau ^f 45 Experimentalhybriden Reinanbau ^g 45 Experimentalhybriden Mischkultur ^{e,g}	4

^a Gitter

^b je Versuchsteil

^c mit „Neckarkönigin“

^d mit „Bobis a grano nero“;

^e mit „Anellino verde“

^f 10 Maispflanzen/m²

^g 7,5 Maispflanzen/m²

2.2. Pflanzenmaterial

Mais

In den Tabellen 3 und 4 sind die Prüfglieder und ihr genetischer Hintergrund dargestellt.

Die Bezeichnung der Prüfglieder in 2012 und 2013 ist gleich der Mutterlinienbezeichnung.

2014 wurden die Experimentalhybriden untersucht, welche in Tabelle 4 gelistet sind.

Tabelle 3: Prüfglieder und Standards 2012 und 2013 (F=Flint, D=Dent, T=Tester, S=Standard)

Prüfglied- bezeichnung	Mutterlinie	Vaterlinie 2012	Vaterlinie 2013	Weitere Information
S1-S16	unbekannt	unbekannt	unbekannt	Standard ₁ - Standard ₁₆
1-90	F ₁ - F ₉₀	T _{D2012}	T _{D2013}	Testhybride des Flintpools
1-90	D ₁ - D ₉₀	T _{F2012}	T _{F2013}	Testhybride des Dentpools

Tabelle 4: Maisexperimentalhybriden in 2014 (F = Flint, D = Dent)

Prüfgliedbezeichnung	Mutterlinie (Dent)	Vaterlinie (Flint)	Elternlinien selektiert in
5.1	D ₅	F ₁	Mischkultur
6.1	D ₆	F ₁	Mischkultur
7.1	D ₇	F ₁	Mischkultur
4.1	D ₄	F ₁	Mischkultur
8.1	D ₈	F ₁	Mischkultur
5.6	D ₅	F ₆	Mischkultur
6.6	D ₆	F ₆	Mischkultur
7.6	D ₇	F ₆	Mischkultur
4.6	D ₄	F ₆	Mischkultur
8.6	D ₈	F ₆	Mischkultur
5.7	D ₅	F ₇	Mischkultur
6.7	D ₆	F ₇	Mischkultur
7.7	D ₇	F ₇	Mischkultur
4.7	D ₄	F ₇	Mischkultur
8.7	D ₈	F ₇	Mischkultur
5.9	D ₅	F ₉	Mischkultur
6.9	D ₆	F ₉	Mischkultur
7.9	D ₇	F ₉	Mischkultur
4.9	D ₄	F ₉	Mischkultur
8.9	D ₈	F ₉	Mischkultur
1.1	D ₁	F ₁	Reinanbau
2.1	D ₂	F ₁	Reinanbau
3.1	D ₃	F ₁	Reinanbau
9.1	D ₉	F ₁	Reinanbau
4.1	D ₄	F ₁	Reinanbau
1.2	D ₁	F ₂	Reinanbau
2.2	D ₂	F ₂	Reinanbau
3.2	D ₃	F ₂	Reinanbau
9.2	D ₉	F ₂	Reinanbau
4.2	D ₄	F ₂	Reinanbau
1.3	D ₁	F ₃	Reinanbau
2.3	D ₂	F ₃	Reinanbau
3.3	D ₃	F ₃	Reinanbau
9.3	D ₉	F ₃	Reinanbau
4.3	D ₄	F ₃	Reinanbau
1.4	D ₁	F ₄	Reinanbau
2.4	D ₂	F ₃	Reinanbau
3.4	D ₃	F ₄	Reinanbau
9.4	D ₉	F ₃	Reinanbau
4.4	D ₄	F ₄	Reinanbau
1.5	D ₁	F ₅	Reinanbau
2.5	D ₂	F ₅	Reinanbau
3.5	D ₃	F ₅	Reinanbau
9.5	D ₉	F ₅	Reinanbau
4.5	D ₄	F ₅	Reinanbau

Bohne

Im ersten Jahr wurde die Stangenbohnsorte „Neckarkönigin“ verwendet. Im zweiten Versuchsjahr wurden die Sorten „Bobis a grano nero“ und „Anellino verde“ zusätzlich in den Versuch integriert. Basierend auf den Ergebnissen aus 2013 wurde im letzten Versuchsjahr lediglich „Anellino verde“ im Gemenge verwendet. Agronomische Eigenschaften und Verwendung der Stangenbohnsorten in den Versuchen sind in Tabelle 5 dargestellt.

Tabelle 5: Verwendete Stangenbohnsorten (*Phaseolus vulgaris* L.) und einige Eigenschaften

Sorte	Im Versuch verwendet	Bezug	TKG ^a [g]	Kornfarbe	Pflanzen-dichte/m ²	Blüte
Neckarkönigin	2012 ^b	HILD ^d	402	weiß	7,5	weiß
	2013 ^c				7,5	
Bobis a grano nero	2013 ^c	Ingegnoli ^e	240	schwarz	7,5	violett
Anellino Verde	2013 ^c	Ingegnoli ^e	305	braun	5	violett
	2014 ^c				10	

^aTKG = Tausendkorngewicht

^b ungebeizt

^c gebeizt mit AATHiram (Cheminova Deutschland GmbH)

^dHILD Samen GmbH (D)

^e Fratelli Ingegnoli Spa. (I)

2.3. Standorte und Versuchsjahre

In jedem Jahr wurden die Versuche in Göttingen und Einbeck sowie 2012 in Grucking (Bayern), 2013 in Eutingen (Baden-Württemberg) und 2014 in Göttelfingen (Baden-Württemberg) angelegt (s. Tabelle 6).

2012 wurden am Tag der Ernte in Grucking massive Fraßschäden an den Bohnen festgestellt. Zu diesem Zeitpunkt war es nicht mehr möglich festzustellen, wann diese Schäden entstanden sind und ob die Bohnen überhaupt Einfluss auf den Mais nehmen konnten. Daher wurde dieser Versuchsstandort nicht in weitere Verrechnungen mit aufgenommen. In Göttingen war der Feldaufgang des Maises sehr unregelmäßig. Teilweise fehlte eine komplette Reihe einer Parzelle. Auf Grund der geringen Wiederholbarkeiten bei fast allen Merkmalen, sowie den Unregelmäßigkeiten im Versuchsfeld wurde der Versuchsstandort Göttingen nicht in weitere Verrechnungen mit aufgenommen (s. Anhang: Tabelle 38). Alle gezeigten Daten aus dem Versuchsjahr 2012 stammen daher von der Verrechnung des Standortes Einbeck.

2013 führten starke Regenfälle während der Maisaussaat in Eutingen zu unzureichenden Feldaufgängen beim Mais. So zeigten zum Zeitpunkt der Bohnenaussaat eine Vielzahl der Versuchspartellen weniger als 50 % der Sollpflanzen. Schwierigkeiten traten auch bei der Bohnenaussaat auf, da der Boden durch das verregnete Frühjahr sehr hart geworden war. Der

mangelhafte Zustand des Feldes führte zu einer Streichung des Versuches schon vor der Ernte. Somit wurde er nicht in die Verrechnungen mit aufgenommen. 2014 wurden alle Versuche in die Auswertungen aufgenommen.

Tabelle 6: Versuchsstandorte: Lage, Bodenart und Klimadaten

Standort	Versuchsstandort in	Koordinaten	Bodenart	Ackerzahl	Ø Jahresniederschlag [mm]	Ø Jahrestemperatur [°C]
Göttingen	2012 2013 ^a 2014 ^a	51° 38' N 9° 52' E	toniger Lehm	84	645	8,7
Einbeck	2012 ^a 2013 ^a 2014 ^a	51° 47' N 9° 50' E	Lehm	80	644	8,8
Grucking	2012	48° 20' N 11° 58' E	Lehm	75	844	8,5
Eutingen	2013	48° 27' N 8° 48' E	Lehm/ Lösslehm	81	711	9,4
Göttelfingen	2014 ^a	48° 29' N 8° 44' E	Lehm/ Lösslehm	85	697	11,1

^a Versuch wurde in die Auswertung mit aufgenommen

2.4. Aussaat und Behandlungen

Alle Versuchsflächen wurden konventionell bewirtschaftet. Entsprechend einer Untersuchung im Frühjahr wurden die Grundnährstoffe auf die Gehaltsklasse C aufgedüngt. Bis fünf Tage vor der Aussaat erfolgte eine ortsübliche Stickstoffdüngung (Sollwert 220 kg minus Wert der Nmin-Bodenprobe). Die Maisaussaart erfolgte praxisüblich in der Zeit vom 20.04.-08.05. mit einer Einzelkornsähmaschine der Firma Baural (in Göttingen 2013 und 2014 mit einer zweireihigen Einzelkornsähmaschine der Firma Hege). Gleichzeitig erfolgte 2012 eine Unterfußdüngung im RA von 1 dt ha⁻¹ Diammonphosphat (18 % N, 46 % P₂O₅). In den Jahren 2013 und 2014 erfolgte keine Unterfußdüngung. Das mit TMTD (Bayer Crop Science) und Mesurol (Bayer Crop Science) bzw. Maxim (Syngenta) und Mesurol gebeizte Maissaatgut wurde in 6 m langen, zweireihigen Parzellen mit 75 cm Reihenabstand auf 5 cm abgelegt. Im RA wurden praxisüblich 10 Maispflanzen/m² (2014 zusätzlich 7,5 Pflanzen/m²) und im Gemenge 7,5 Maispflanzen/m² ausgelegt. 2014 wurden 10 % mehr Maispflanzen ausgesät und bis zum Erreichen des BBCH-Stadiums 28 auf die gewünschte Pflanzenanzahl vereinzelt. Eine chemische Beikrautregulierung erfolgte standortspezifisch mit Stomp® und Stomp® Aqua von der Firma BASF.

Für die Bohnen wurde immer die doppelte Aussaatstärke genutzt. Im Zweiblattstadium der Bohne wurde anschließend von Hand auf die angestrebte Pflanzendichte (s. Tabelle 5)

vereinzelt. Die Bohneraussaat erfolgte 2012 und 2013 zum 4 – 5 Blattstadium des Mais und 2014 zum 3 – 4 Blattstadium des Maises mit einer mechanischen Maisdrille (s. Abbildung 6). Die Aussaatstärken und das verwendete Beizmittel sind in Tabelle 5 dargestellt.



Abbildung 6: Aussaat der Bohnen (Göttingen, 2013)

2.5. Erfasste Merkmale

2.5.1. Frischmasseertrag (FME)

Mais

Die Ernte der kompletten Parzellen des Reinanbaus erfolgte bei einem Trockensubstanzgehalt der Maispflanzen von circa 32 % mit einem zweireihigen Vollernter der Firma Baural an allen Standorten. An Bord der Erntemaschine wurde die Frischmasse mittels einer elektronischen Waage erfasst.

Auf die gleiche Weise wurde die Biomasse in den Parzellen des Gemenges erfasst. Hier konnte aus technischen Gründen keine Differenzierung in Mais und Bohnenanteil erfolgen. In ausgewählten Parzellen (alle Parzellen mit Standards, sowie 2014 zusätzlich die Parzellen der Prüfglieder 5.1, 5.6, 7.6, 1.1, 4.1, 2.2) in Göttingen und Einbeck wurde der Frischmasseertrag der Bohnen und des Maises separat erfasst.

Bohne

In diesen ausgewählten Parzellen wurde ein bis sieben Tage vor der Ernte die gesamte Bohnenmasse von Hand ab 15 cm über der Erde geerntet und gewogen. Die Maispflanzen dieser Parzellen wurden anschließend bei der Ernte von dem Vollernter erfasst.

2.5.2. Trockensubstanzgehalt (TSG) und Trockenmasseerträge (TME)

Mais

Der TSG des Maises wurde an allen Standorten an Bord des Vollernters durch Nahinfrarotspektroskopie (NIRS) erfasst. Durch multiplizieren von FME und TSG wird der TME errechnet.

Bohne

Nach Ernte der Bohnenfrischmasse (s.2.5.1) wurde das Pflanzenmaterial mit einem Standhäcksler der Firma Wintersteiger in circa 1,5 cm x 2 cm große Stücke zerkleinert. Nach einem gründlichen Durchmischen von Hand wurde eine Probe von ungefähr 1 kg entnommen, gewogen und anschließend zum Trocknen bei 105 °C in den Trockenschrank gelegt. Der FME wurde mit dem TSG multipliziert und ergab so den TME.

2.5.3. Korrigierter Ertrag (koEr)

Damit die Erträge der einzelnen Genotypen trotz unterschiedlicher Pflanzenanzahlen vergleichbar sind, wurde folgende Formel bei der Ertragskorrektur verwendet:

$$\text{koEr} = \text{TME} + (\text{SP} - \text{IP}) * 0,5 * \text{TME} / \text{IP}$$

koEr = korrigierter Ertrag der Parzelle

TME = Trockenmasseertrag der Parzelle

SP = Sollpflanzen in der Parzelle

IP = Anzahl der Pflanzen in der Parzelle

Durch diese Formel werden Abweichungen von der Sollpflanzenzahl ausgeglichen. Abweichungen von der Sollpflanzenzahl werden dabei mit 0,5 gewertet, da weniger Pflanzen zu weniger Ertrag führen, aber auch mehr Platz und Ressourcen für die anderen Pflanzen der Parzelle mit sich bringen. Diese Pflanzen kompensieren daher teilweise die fehlenden Pflanzen. Die Bewertung mit 0,5 ist ein langjähriger Erfahrungswert, der als Standard in Maisversuchen verwendet wird.

2.5.4. Reifekorrigierter Ertrag (RekoE)

Da in der praktischen Energiemaissortenzüchtung die Merkmale TSG und TME bzw. koEr betrachtet werden, kann bei der Selektion auf die Reifezeit der Genotypen Rücksicht genommen werden. Durch den RekoE gibt es ein Merkmal, in dem TME bzw. koEr und TSG so bewertet werden, wie in der praktischen Züchtung üblich (s. 2.6).

Für die Berechnung des RekoE wurde folgende Formel verwendet:

$$\text{RekoE} = \text{koEr} + (\text{TSG} - \text{MTSG}) * (\text{MkoEr} / 100)$$

RekoE = Reifekorrigierter Ertrag der Parzelle

koEr = korrigierter Ertrag der Parzelle

TSG = Trockensubstanzgehalt der Parzelle

MTSG = Mittel der Trockensubstanzgehalte des Versuchs

MkoEr = Mittel der korrigierten Erträge des Versuchs

2.5.5. Weitere Merkmale

Bis auf die Pflanzenanzahl wurden alle weiteren Merkmale nur an den Standorten Einbeck und Göttingen ermittelt.

Pflanzenanzahl

Alle Maispflanzen einer Parzelle wurden zum Zeitpunkt der Blüte notiert.

Jugendentwicklung

Als Maß für die Jugendentwicklung wurde die Wuchshöhe zum BBCH-Stadium 29 - 31 in der Parzellenmitte erfasst (s. Abbildung 7) und die Pflanzenhöhe in Dezimetern notiert. Hierbei wurde immer aufgerundet, wodurch eine maximale Überschätzung von 9 cm möglich ist.

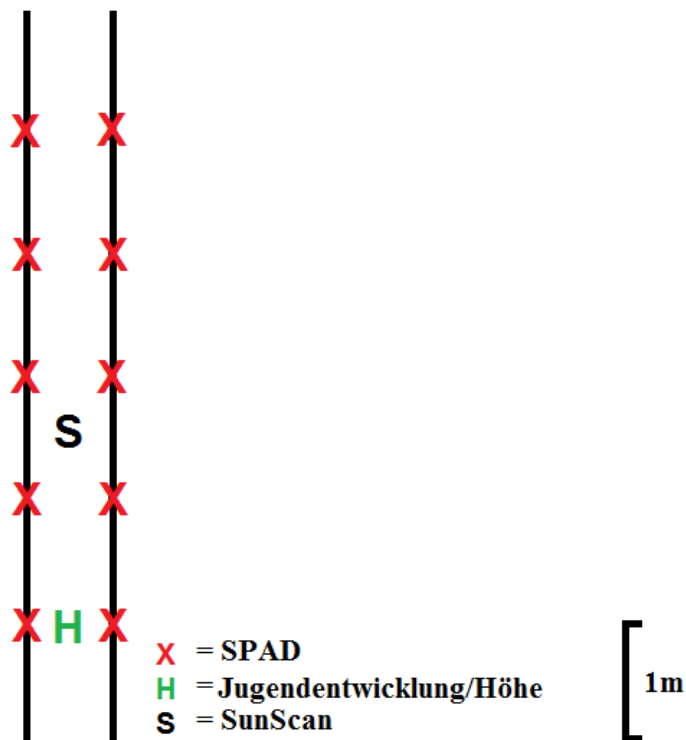


Abbildung 7: Messpunkte für Jugendentwicklung, Höhe, SPAD und SunScan innerhalb der beiden Reihen einer Maisparzelle

Photosynthetisch aktive Strahlung (PAR) im Maisbestand

Ob Maisgenotypen durch eine bestimmte Blattstellung zu einer erhöhten Beschattung des Bodens führen und somit das Wachstum der Bohnen negativ beeinflussen, wurde durch die Messung der PAR (400-700 nm) im Mais RA überprüft. Alle beprobten Parzellen waren in Nord-Süd-Richtung ausgerichtet. Mit Hilfe des SunScan Canopy Analysis System (Delta-T Devices Limited, Cambridge, U.K.) wurde die einfallende Strahlung über dem Bestand gemessen. Anschließend wurde der Messsensor parallel zu den Maisreihen in der Mitte der Parzelle positioniert (s. Abbildung 7). Hier wurde drei Mal gemessen und der Mittelwert in Prozent der Strahlung über dem Bestand festgehalten. Der Messsensor ist 1 m lang und hat 64 Messdioden, die in gleichen Abständen auf dem Sensor verteilt sind. Die Messungen fanden in allen Versuchsjahren in der Zeit vom 10. – 18. Juli statt. Es wurde immer von 11.30 - 14.30 Uhr gemessen. Die Stärke der Strahlung wird in $\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ bei einer Auflösung von $0,3 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ innerhalb von 120 ms erfasst. Die Messkonstante Absorption wurde auf 0,85, die Ellipsoidale Leaf Angle Distribution Parameter auf 1 gesetzt.

Blühdatum

Als Blühdatum wurde der Tag notiert, an dem mindestens 25 % der Pflanzen Pollen ausschütteten.

Pflanzenhöhe

Für das Messen der Pflanzenhöhe wurde zwei Wochen nach dem letzten Blühdatum (s. o.) eine Messlatte mittig in der Maisparzelle platziert (s. Abbildung 7). Anschließend wurde die Gesamthöhe der Maispflanzen in Dezimetern notiert. Hierbei wurde immer aufgerundet, wodurch eine maximale Überschätzung von 9 cm möglich ist.

Chlorophyllgehalt

Der Chlorophyllgehalt der Maisblätter wurde indirekt mit dem Chlorophyllmeter SPAD 502 (Konica Minolta Optics, Inc., Osaka, Japan) am Blatt unterhalb des Kolbens gemessen. Er wurde pro Reihe an fünf Pflanzen gemessen, die 1 m, 2 m und 3 m vom Weg entfernt waren (s. Abbildung 7). Der Mittelwert über alle zehn Messwerte wurde im Anschluss notiert. Die erste SPAD-Messung (SPAD1) erfolgte immer 2 – 3 Wochen nach dem letzten Blühbeginn. In 2013 und 2014 wurde 1 – 5 Tage vor der Ernte noch eine zweite SPAD-Messung (SPAD2) durchgeführt. 2014 wurden SPAD2-Werte in MK in Göttingen nicht ermittelt, da ein großer Teil der Parzellen unter der Last der Bohnen vor dem Zeitpunkt der Messung zusammengebrochen war. Bei den gemessenen Werten handelt es sich nicht um den tatsächlichen Chlorophyllgehalt eines Blattes, sondern um sogenannte SPAD-Werte. Diese stehen in einer proportionalen Beziehung zum tatsächlichen Chlorophyllgehalt (Konica Minolta Optics 2009). Je höher diese Werte sind, desto höher ist der Chlorophyllgehalt des Blattes.

C/N Analyse

Für die C/N Analyse wurden von ausgewählten Parzellen (2012-2014 alle Standards, 2014 zusätzlich bei Prüfglied: 5.1, 5.6, 7.6, 1.1, 4.1, 2.2) Pflanzenproben genommen. 2012 wurden dafür 5 Einzelpflanzen der Parzellen geerntet. In 2013 und 2014 erfolgte die Entnahme einer 1,5 - 2,5 kg Probe durch den Parzellenernter bei der Ernte. Im Anschluss wurden diese Proben bei 60 °C getrocknet und nach Dumas analysiert. Das Verbrennungsrohr ist bei 950 °C und das Reduktionsrohr bei 500 °C gelaufen.

Kolbenhöhe

Es wurde 2014 der Kolbenansatz am Maisstängel 5 - 10 Tage vor der Maisernte erfasst. In Göttingen wurde die Kolbenhöhe in MK nicht ermittelt, da sich zu diesem Zeitpunkt viele Parzellen im Lager befanden.

2.6. Selektionsparameter

Am Ende des Versuchsjahres wurden die besten Genotypen selektiert. Dafür wurden nach der statistischen Verrechnung der TSG und der koEr der Genotypen graphisch dargestellt (s. Abbildung 8). Anschließend wurde eine Linie in die Grafik gezogen, deren negative Steigung sich aus 1 % relativ des koEr und 1 % absolut des TSG ergibt. Diese Linie wurde so lange parallel verschoben, bis die gewünschte Anzahl der zu selektierenden Genotypen oberhalb dieser Linie war. Diese Genotypen wurden nach Absprache mit der KWS SAAT AG selektiert, wenn sie an weiteren, firmeneigenen Versuchen keine Schwächen aufwiesen. Diese Methodik wird ebenfalls beim Bundessortenamt angewendet und verhindert eine einseitige Selektion auf eine späte Reifegruppe. Im direkten Vergleich haben spätere Typen Vorteile in der Trockenmasseleistung. Dies wird nun unter der Berücksichtigung des TSG ausgeglichen.

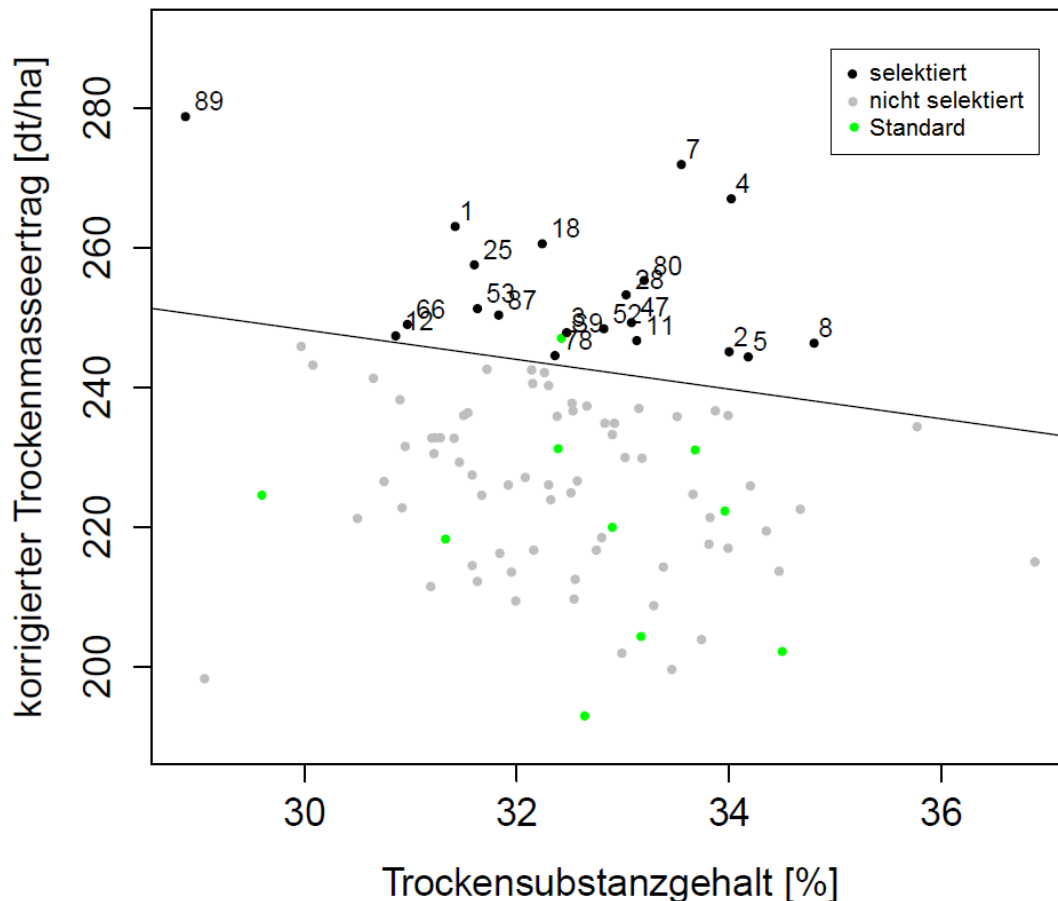


Abbildung 8: Beispiel für einen Selektionsplot - Flinttesthybriden im Reinanbau (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfglied-bezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).

2.7. Selektionserfolg

Für die Berechnung des Selektionserfolgs wurde folgende Formeln angewendet:

$$R_D = i_D * h_D * \sigma_D$$

$$R_I = i_I * h_I * \sigma_D * r_G$$

R_D = direkter Selektionserfolg

R_I = indirekter Selektionserfolg

i_D = Selektionsintensität Zielmerkmal (direktes Merkmal)

i_I = Selektionsintensität Hilfsmerkmal (indirektes Merkmal)

h_D = Wurzel der Heritabilität Zielmerkmal

h_I = Wurzel Heritabilität Hilfsmerkmal σ_D = genetische Standardabweichung Zielmerkmal

r_G = genetische Korrelation von Zielmerkmal und Hilfsmerkmal

Das Zielmerkmal ist der RekoE in MK, das Hilfsmerkmal der RekoE im RA.

2.8. Statistische Analyse

Die Verrechnungen wurden mit der Software PlabStat (Utz 2011) durchgeführt. Zunächst erfolgte eine Verrechnung der einzelnen Versuchsteile (s. Tabelle 2) als Gitter mit den Standards. Für die Berechnung von Korrelationen wurde der Spearman Korrelationskoeffizient und für die angegebenen Grenzdifferenzen der Tukey's HSD Test verwendet. Die Heritabilität wurde nach folgender Formel berechnet (Falconer und Mackay, 1996):

$$h^2_{iws} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gu}^2}{u} + \frac{\sigma_e^2}{ur}}$$

h^2_{iws} = Heritabilität im weiteren Sinn

σ_p^2 = Phänotypische Varianz der Mittelwerte

σ_g^2 = Genotypische Varianz der Mittelwerte

σ_{gu}^2 = Varianz der Genotyp-Umwelt Interaktion

σ_e^2 = Fehlervarianz

u = Anzahl Umwelten

r = Anzahl Wiederholungen

Die Standardfehler von genotypischen Korrelationskoeffizienten werden durch PlabStat nach Mode und Robinson (1959) berechnet. Für die Berechnung der genetischen Korrelationen wurden die Standards nicht mit eingeschlossen.

2012

Alle gezeigten Daten aus dem Versuchsjahr 2012 stammen von der Verrechnung des Standortes Einbeck. Die Auswertung der einzelnen Versuchsteile führte zu Mittelwerten je Genotyp, welche anschließend für eine Verrechnung als Serie über die Anbausysteme ohne Standards genutzt wurden. Folgendes Model wurde für die Berechnung der Beobachtungswerte verwendet:

$$x_{ij} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + e_{ij}$$

x_{ij} = Beobachtungswert des i-ten Genotyps im j-ten Anbausystem

μ = Versuchsmittelwert

g_i = Effekt des i-ten Genotyps

a_j = Effekt des j-ten Anbausystems

ga_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und j-tem Anbausystem

e_{ij} = Restfehler

2013

Für die Varianzanalysen der einzelnen Genpools über die Orte wurden die beiden Genpools getrennt betrachtet und Standards wurden nicht mit eingeschlossen. Die Analyse der MK erfolgte über alle drei Bohnensorten. Folgende Modelle wurden verwendet:

Für den RA:

$$x_{ij} = \mu + g_i + s_j + gs_{ij} + e_{ij}$$

x_{ij} = Beobachtungswert des i-ten Genotyps am j-ten Standort

μ = Versuchsmittelwert

g_i = Effekt des i-ten Genotyps

s_j = Effekt des j-ten Standorts

gs_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und j-tem Standort

e_{ij} = Restfehler

Für die MK:

$$x_{ijk} = \mu + g_i + s_j + b_k + gs_{ij} + gb_{ik} + sb_{jk} + gsb_{ijk}$$

x_{ijk} = Beobachtungswert des i-ten Genotyps am j-ten Standort mit der k-ten Bohnensorte

μ = Versuchsmittelwert

g_i = Effekt des i-ten Genotyps

s_j = Effekt des j-ten Standorts

b_k = Effekt der k-ten Bohnensorte

gs_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und j-tem Standort

gb_{ik} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und k-ter Bohnensorte

sb_{jk} = Interaktionseffekt zwischen j-tem Standort und k-ter Bohnensorte

gsb_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp, j-tem Standort, k-ter Bohnensorte

Der Interaktionseffekt aller Faktoren (gs_{ijk}) enthält dabei den Versuchsfehler.

2014

Nach der Verrechnung der einzelnen Versuchsteile erfolgte eine Varianzanalyse über die Standorte ohne die Standards. Folgendes Modell wurde verwendet:

$$x_{ij} = \mu + g_i + s_j + gs_{ij} + e_{ij}$$

x_{ij} = Beobachtungswert des i-ten Genotyps am j-ten Standort

μ = Versuchsmittelwert

g_i = Effekt des i-ten Genotyps

s_j = Effekt des j-ten Standorts

gs_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und j-tem Standort

e_{ij} = Restfehler

Für die Verrechnung über zwei Anbausysteme wurde folgendes Modell verwendet:

$$x_{ijk} = \mu + g_i + s_j + a_k + gs_{ij} + ga_{ik} + sa_{jk} + gsa_{ijk}$$

x_{ijk} = Beobachtungswert des i-ten Genotyps am j-ten Standort im k-ten Anbausystem

μ = Versuchsmittelwert

g_i = Effekt des i-ten Genotyps

s_j = Effekt des j-ten Standorts

b_k = Effekt der k-ten Anbausystem

gs_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und j-tem Standort

ga_{ik} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp und k-tem Anbausystem

sa_{jk} = Interaktionseffekt zwischen j-tem Standort und k-tem Anbausystem

gsa_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-tem Genotyp, j-tem Standort, k-tem Anbausystem

Der Interaktionseffekt aller Faktoren (gsa_{ijk}) enthält dabei den Versuchsfehler.

Allgemeine Kombinationseignung (GCA) und spezifische Kombinationseignung (SCA) wurden nach folgendem Modell berechnet:

$$x_{ijk} = \mu + d_i + f_j + s_k + df_{ij} + dfs_{ijk}$$

x_{ijk} = Beobachtungswert der Experimentalhybride aus i-ter Dentlinie und j-ter Flintlinie am k-ten Standort

μ = Versuchsmittelwert

d_i = GCA-Effekt der i-ten Dentlinie

f_j = GCA-Effekt der j-ten Flintlinie

s_k = Effekt des k-ten Standorts

df_{ij} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Dentlinie und j-ter Flintlinie (entspricht der SCA)

dfs_{ijk} = Interaktionseffekt zwischen i-ter Dentlinie, j-ter Flintlinie, k-tem Standort

Der Interaktionseffekt aller Faktoren (dfs_{ijk}) enthält die Interaktionen ds_{ik} und fs_{jk} sowie den Versuchsfehler. Bei dieser Verrechnung wurden Experimentalhybriden, deren Eltern in MK selektiert wurden und Experimentalhybriden, deren Eltern im RA selektiert wurden, getrennt betrachtet.

3. Ergebnisse

3.1. Mittel- und Maximalerträge

Im ersten Jahr konnte die MK der Dent- und Flintmutterlinien im Mittel nur 88 % der Ertragsleistung des RA erbringen (s. Tabelle 7). In diesem Jahr wurde die MK im Gegensatz zum RA aus versuchstechnische Gründen nicht mit einer Unterfußdüngung gedüngt. Bei der Betrachtung der Maximalerträge wurden Werte von mindestens 90 % erreicht.

2013 wurden im Ertragsmittel fast 100 % erreicht. In diesem Jahr wurden in Göttingen 9 Maispflanzen/m² statt 7,5 Maispflanzen/m² gesät. Die Maximalerträge lagen bei circa 100 %. Die Relativwerte in den Jahren 2012 und 2013 vergleichen immer die MK mit dem RA.

Tabelle 7: Mittel- und Maximalerträge der Testhybriden (2012, 2013, Reifekorrigierte Erträge [dt/ha], Relativwerte in Klammern)

Jahr	Mutterlinien	Mittelwert ^a		Maximalertrag ^b	
		RA ^c	MK ^d	RA	MK
2012 ^e	Dent	235	206 (88)	280	252 (90)
	Flint	231	204 (88)	274	247 (90)
2013 ^f	Dent	206	200 (97)	216	217 (100)
	Flint	216	213 (99)	244	237 (97)

^a Mittelwerte über alle Prüfglieder eines Versuchsteils

^b Höchster Ertrag eines Prüfglieder des Versuchsteils

^c RA = Reinanbau

^d MK = Mischkultur

^e Daten vom Standort Einbeck

^f Daten vom Standort Einbeck, Göttingen

2014 wurden die Experimentalhybriden getestet. Deren Eltern wurden aufgrund ihrer Testkreuzungsleistung im jeweiligen Anbausystem selektiert. Getestet wurden die Experimentalhybriden davon unabhängig in beiden Anbausystemen.

Die angegebenen Relativwerte beziehen sich daher nicht mehr auf die Anbausysteme sondern auf die Leistung in MK relativ zum RA. Es wurden innerhalb eines Anbausystems (MK, RA, RA7,5) die Experimentalhybriden auf Grund der Selektionsform (MK oder RA) ihrer Elternlinien miteinander verglichen. Beim Vergleich der Mittel- und Maximalerträge der Experimentalhybriden (s. Tabelle 8) hatte im Vergleich der Anbausysteme der RA immer den höchsten Ertrag vor dem RA mit 7,5 Maispflanzen/m² (RA7,5) und der MK. Experimentalhybriden aus der Selektion in MK zeigten deutliche Mehrerträge.

Tabelle 8: Mittel- und Maximalerträge der Experimentalhybriden (2014, Reifekorrigierte Erträge [dt/ha], Relativwerte in Klammern)

Anbausystem	Mittelwerte ^a		Maximalertrag ^b	
	Elternlinien selektiert in RA ^c	Elternlinien selektiert in MK ^d	Elternlinien selektiert in RA	Elternlinien selektiert in MK
RA	224	234 (104)	241	270 (112)
MK	197	210 (107)	224	262 (116)
RA7,5 ^e	205	216 (105)	226	251 (111)

^a Mittelwerte über alle Prüfglieder eines Versuchsteils

^b Höchster Ertrag eines Prüfglieder des Versuchsteils

^c RA = Reinanbau (10 Maispflanzen/m²)

^d MK = Mischkultur

^e RA7,5 = Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²)

3.2. Bohnenertragsanteil

Die Mittelwerte der geernteten Bohnenmassen und ihr Anteil am gemittelten Gesamtertrag der beprobten Parzellen sind in Tabelle 9 dargestellt. Im Jahr 2013 führte ein stark verregnetes Frühjahr zu Schwierigkeiten bei der Aussaat und dem Auflaufen der Bohnen. Dementsprechend waren in diesem Jahr die Erträge sehr gering. Frostnächte vor der Ernte führten in diesem Jahr zu einem stark erhöhten TSG bei den Maispflanzen. In jedem Jahr lag der TSG der Bohnen deutlich unter dem TSG des Gemenges aus Mais und Bohne. 2014 konnten in Göttingen die höchsten Bohnenerträge erfasst werden, hier war allerdings der Ertrag des Maises sehr niedrig.

Tabelle 9: Ertragsanteil Bohne 2012-2014 (gemittelte Werte, 18-20 Proben je Jahr/Standort/Bohnensorte)

Jahr	Standort	Bohnensorte	TSG ^a Bohne [%]	TME ^b Bohne [dt/ha]	TSG Mais + Bohne [%]	koEr ^c Mais + Bohne [dt/ha]	Ertrags- anteil Bohne [%]
2012	Einbeck	Neckarkönigin ^d	17,52	11,70	31,9	208,77	5,31
2013	Einbeck	Neckarkönigin ^d	23,06	5,09	44,31	199,44	2,49
2013	Einbeck	Bobis a grano nero ^d	23,08	5,36	44,97	201,87	2,59
2013	Einbeck	Anellino verde ^e	18,74	4,57	44,76	202,46	2,21
2013	Göttingen	Neckarkönigin ^d	17,58	6,93	36,22	207,25	3,24
2013	Göttingen	Bobis a grano nero ^d	19,55	6,50	36,36	212,02	2,97
2013	Göttingen	Anellino verde ^e	17,92	4,01	34,12	207,99	1,89
2014	Einbeck	Anellino verde ^f	16,52	14,92	27,73	229,7	6,10
2014	Göttingen	Anellino verde ^f	15,18	25,30	32,13	175,26	12,61

^a TSG = Trockensubstanzgehalt

^b TME = Trockenmasseertrag

^c koEr = korrigierter Ertrag

^d Pflanzendichte der Bohnen 7,5 Pflanzen/m²

^e Pflanzendichte der Bohnen 5 Pflanzen/m²

^f Pflanzendichte der Bohnen 10 Pflanzen/m²

3.3. C/N Analysen

Die Ergebnisse der C/N Analyse zeigen im Mittel über die Jahre keine wesentlichen Unterschiede zwischen den Maispflanzen im RA und in MK (s. Tabelle 10). Die Bohnen haben auf Grund ihres hohen N-Anteils ein niedrigeres C/N Verhältnis.

Tabelle 10: Ergebnisse der C/N Analyse 2012-2014 (Mittelwerte über 18 - 20 Proben, Doppelbestimmung)

Jahr	Standort	Bohnsorte	Bohne			Mais in Mischkultur			Mais in Reinanbau		
			N%	C%	C/N	N%	C%	C/N	N%	C%	C/N
2012	Einbeck	Neckarkönigin	2,70	40,06	14,83	1,13	44,05	38,98	1,14	42,91	37,90
2013	Einbeck	Neckarkönigin	2,45	40,813	16,75	1,18	42,91	36,40	1,12	42,95	38,60
2013	Einbeck	Bobis a grano nero	2,50	41,65	16,76	1,18	42,86	36,40			
2013	Einbeck	Anellino verde	2,41	41,56	17,35	1,21	43,04	35,71			
2013	Göttingen	Neckarkönigin	2,45	40,08	16,43	1,28	43,06	33,76	1,27	43,24	34,29
2013	Göttingen	Bobis a grano nero	2,72	40,76	15,02	1,30	43,08	33,16			
2013	Göttingen	Anellino verde	2,49	41,16	16,63	1,19	43,03	36,20			
2014	Einbeck	Anellino verde	2,81	40,80	14,58	1,16	44,03	38,12	1,09	44,15	40,73
2014	Göttingen	Anellino verde	3,05	42,29	13,93	1,17	44,65	38,20	1,14	43,32	37,97
Mittelwerte			2,62	41,02	15,81	1,20	43,41	36,33	1,15	43,31	37,90

3.4. Variation der Testkreuzungen 2012 und Selektion

3.4.1. Varianzanalysen und Merkmalskorrelationen

Zunächst wurde eine Varianzanalyse der einzelnen Versuchsteile mit den Standards durchgeführt. Hier wurde bei allen Versuchsteilen ein signifikanter Einfluss des Genotyps bei jedem Merkmal festgestellt (s. Anhang: Tabelle 39 bis Tabelle 42). Weitere statistische Parameter aus diesen Verrechnungen sind in Tabelle 11 dargestellt. Die Anzahl der Maispflanzen deckt sich im Mittel mit der Anzahl der Sollpflanzen (96 im RA bzw. 70 in MK). Wiederholbarkeiten von maximal 41,8 % werden erreicht. Die Wiederholbarkeit bei den Merkmalen TME, FME, TSG, Blüte, Höhe, koEr und RekoE liegt in jedem Versuchsteil über 48 %. Die Wiederholbarkeit des TME konnte jedes Mal durch die Korrektur mit der Pflanzenzahl (koEr) erhöht werden. Der RekoE weist immer eine geringere Wiederholbarkeit als der koEr auf. Die Jugendentwicklung als auch die SunScan-Messungen liegen mit Wiederholbarkeiten von 0 - 39 % in einem niedrigen Bereich. Sowohl die Flint- als auch die Denttesthybriden weisen signifikante Unterschiede im Mittel zwischen ihren Anbausystemen auf. Die Variante mit RA liefert einen höheren TME, FME, koEr und RekoE. Die Wuchshöhen zur Jugend und zur Blüte sind höher und der Blühbeginn ein wenig später. SPAD1 und TSG sind hingegen in der MK signifikant erhöht. Der TME ist mit dem FME, dem koEr und dem RekoE mit 0,78 - 0,9 signifikant korreliert (s. Tabelle 12). Mit der Höhe finden sich signifikante Korrelationen von 0,44 - 0,45 in den Varianten Reinanbau der Flint- bzw. Denttesthybriden und 0,2 mit den Varianten der Mischkultur.

Der FME zeigt in den Denttestkreuzungen eine höhere signifikante Korrelation mit der Blüte als in den Flinttestkreuzungen. Signifikante Korrelationen mit der Höhe finden sich nur im Reinanbau. Mit dem koEr ist der FME signifikant mit 0,79 - 0,88 korreliert; beim RekoE finden sich Korrelationen von 0,48 - 0,81.

Der TSG ist signifikant mit den SPAD1 Werten mit 0,27 - 0,33 korreliert.

Die Pflanzenanzahl ist nur sehr schwach und nicht signifikant mit koEr und RekoE korreliert. Bei der Jugendentwicklung finden sich in der MK signifikante Korrelationen von 0,26 - 0,33 mit der Höhe. Im RA konnten keine signifikanten Korrelationen ermittelt werden.

KoEr und RekoE sind signifikant und sehr hoch miteinander korreliert (0,91 - 0,99).

Tabelle 11: Flint- und Denttesthybriden mit Standards im Reinanbau und in Mischkultur: Wiederholbarkeit, Grenzdifferenz, Mittelwert aller bonitierten Merkmale (Einbeck, 2012)

Versuchsteil	TME ^a [dt/ha]	FME ^b [kg/Parzelle]	TSG ^c [%]	Anzahl [Pflanzen/ Parzelle]	Jugend- entwicklung [cm]	Blüte [Tage nach Aussaat]	SPAD1	Höhe [cm]	SunScan [%]	koEr ^d [dt/ha]	RekoE ^e [dt/ha]
Flint im Reinanbau											
Wiederholbarkeit	74,26	81,81	77,32	32,25	24,12	80,79	59,95	56,91	15,44	76,14	72,68
Grenzdifferenz	17,58	54,3	1,38	6,91	12,12	1,09	2,94	13,75	4,7	17,14	18,38
Mittelwert	231,1 ^f	713,95 ^f	32,45 ^f	96,21 ^f	89,34 ^f	83,98 ^f	58,63 ^f	314,95 ^f	10,15	231,06 ^f	231,07 ^f
Flint in Mischkultur											
Wiederholbarkeit	67,4	80,35	48,08	19,22	39,43	83,66	38,52	48,65		70,17	64,19
Grenzdifferenz	22,85	56,08	2,21	6,73	11,96	1,04	3,93	14,07		20,98	24,11
Mittelwert	209,4 ^g	670,34 ^g	31,29 ^g	74,26 ^g	75,95 ^g	83,12 ^g	60,14 ^g	304,9 ^g		203,52 ^g	203,63 ^g
Dent im Reinanbau											
Wiederholbarkeit	60,95	88,74	92,94	41,8	21,23	74,62	42,6	60,72	0	68,47	58,42
Grenzdifferenz	20,82	61,85	1,54	7,64	12,47	1,24	3,65	14,19	2,22	20,5	21,52
Mittelwert	233,82 ^f	708,26 ^f	33,34 ^f	95,61 ^f	86,9 ^f	83,96 ^f	58 ^f	319,95 ^f	5,56	234,55 ^f	234,54 ^f
Dent in Mischkultur											
Wiederholbarkeit	73,24	89,82	72,69	40,16	34,87	87,11	59,1	51,45		78,9	69,19
Grenzdifferenz	19,48	53,22	1,92	6,39	10,21	0,83	3,13	15,27		17,38	19,96
Mittelwert	208,14 ^g	676,76 ^g	30,93 ^g	71,61 ^g	70,85 ^g	82,94 ^g	59,09 ^g	303,65 ^g		206,07 ^g	206,07 ^g

^a TME = Trockenmasseertrag

^b FME = Frischmasseertrag

^c TSG = Trockensubstanzgehalt

^d koEr = korrigierter Ertrag

^e RekoE = reifekorrigierter Ertrag

^{f, g} Signifikante Unterschiede zwischen den Varianten Reinanbau und Mischkultur (zweiseitiger t-Test, Signifikanzniveau p = 0,01)

Eine hoch signifikante Varianzursache sind bei allen Merkmalen das Anbausystem und wie schon in der Untersuchung der einzelnen Versuchsteile (s. Anhang: Tabelle 39 bis Tabelle 42) der Genotyp. Eine sehr hohe Heritabilität deckt sich mit dem hohen Anteil des Genotyps an der Varianz bei FME, TSG, SPAD1, Blühdatum und Wuchshöhe. Bei den Merkmalen TME, Jugendentwicklung, Pflanzenanzahl, koEr und RekoE ist das Anbausystem die höchste Varianzursache. Ebenso wie der TME, FME und RekoE weisen auch die Selektionsmerkmale TSG und koEr eine hoch signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Anbausystem auf. Die Analyse der Denttesthybriden (s. Tabelle 14) deckt sich im Wesentlichen mit der Analyse der Flinttesthybriden. Allerdings wurde keine signifikante Genotyp x Anbausystem Interaktion für den TME und den koEr festgestellt. Der FME weist im Vergleich zu den Flinttesthybriden eine sehr viel höhere genetische Varianz auf.

Tabelle 12: Korrelationsmatrix Flint- und Denttesthybriden mit Standards im Reinanbau und in Mischkultur aller bonitierten Merkmale (Einbeck, 2012)

	TME ^a	FME ^b	TSG ^c	Anzahl ^d	Jugend ^e	Blüte	SPAD1	Höhe	SunScan	koEr ^f
Flint im Reinanbau										
FME	0,88**									
TSG	-0,13	-0,58**								
Anzahl	0,00	-0,05	0,10							
Jugend	0,19	0,06	0,20*	0,17						
Blüte	0,3**	0,45**	-0,41**	-0,07	-0,40**					
SPAD1	-0,11	-0,07	-0,01	0,02	0,04	-0,15				
Höhe	0,45**	0,30**	0,13	-0,01	0,14	-0,01	-0,28**			
SunScan	-0,27**	-0,32**	0,21*	-0,09	0,02	-0,19	0,13	-0,09		
koEr	0,97**	0,86**	-0,15	-0,25*	0,14	0,32**	-0,11	0,43**	-0,24*	
RekoE ^g	0,96**	0,77**	0,03	-0,24*	0,18	0,25*	-0,12	0,46**	-0,20*	0,98**
Flint in Mischkultur										
FME	0,87**									
TSG	0,19	-0,30								
Anzahl	0,10	0,02	0,18							
Jugend	0,11	0,00	0,2*	0,02						
Blüte	0,17	0,37**	-0,34	-0,08	-0,25					
SPAD1	-0,02	-0,15	0,27**	0,05	0,15	-0,31				
Höhe	0,20*	0,05	0,27**	-0,22	0,33**	-0,22	0,09			
koEr	0,98**	0,87**	0,14	-0,12	0,11	0,2*	-0,04	0,25*		
RekoE	0,97**	0,81**	0,28**	-0,09	0,13	0,17	-0,01	0,27**		0,99**
Dent im Reinanbau										
FME	0,78**									
TSG	-0,41**	-0,88**								
Anzahl	0,01	-0,17	0,26**							
Jugend	0,05	0,01	0,00	0,07						
Blüte	0,58**	0,68**	-0,54**	-0,18	-0,21*					
SPAD1	-0,38**	-0,42**	0,33**	0,21**	0,01	-0,39**				
Höhe	0,44**	0,46**	-0,35**	-0,18	-0,04	0,33**	-0,50**			
SunScan	-0,27**	-0,24*	0,16	-0,05	0,07	-0,11	0,11	-0,31**		
koEr	0,94**	0,79**	-0,46**	-0,32**	0,02	0,61**	-0,44**	0,49**	-0,24*	
RekoE	0,87**	0,48**	-0,06	-0,24*	0,02	0,43**	-0,34**	0,39**	-0,19	0,91**
Dent in Mischkultur										
FME	0,90**									
TSG	-0,46**	-0,79**								
Anzahl	0,09	0,04	0,05							
Jugend	-0,05	-0,04	0,00	-0,01						
Blüte	0,61**	0,64**	-0,44**	-0,09	-0,03**					
SPAD1	-0,34**	-0,38**	0,28**	0,19	-0,16	-0,36**				
Höhe	0,20*	0,12	-0,03	-0,11	0,26**	0,11	-0,22*			
koEr	0,96**	0,88**	-0,47**	-0,21*	-0,05	0,62**	-0,39**	0,23*		
RekoE	0,94**	0,78**	-0,29**	-0,21*	-0,06	0,58**	-0,36**	0,24*		0,98**

^a TME = Trockenmasseertrag

^b FME = Frischmasseertrag

^c TSG = Trockensubstanzgehalt

^d Anzahl = Anzahl Maispflanzen/Parzelle

^e Jugend = Jugendentwicklung

^f koEr = korrigierter Ertrag

^g RekoE = reifekorrigierter Ertrag

Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 13: Varianzanalyse der Flinttesthybriden mit Standards über die Varianten Reinanbau und Mischkultur (Einbeck, 2012)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					Blühdatum [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A ^e	1	19668,37	217,57**	2,76	A	1	34,10	0,38**	0,08
G ^f	89	441,33	177,34**	18,50	G	89	2,96	1,44**	0,57
GA	89	86,66	34,16**	20,24	GA	89	0,08	-0,06	1,06
Restfehler	159	52,50	52,50		Restfehler	162	0,14	0,14	
Heritabilität	80,36				Heritabilität	97,26			

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]					SPAD1				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	78255,88	863,18**	7,07	A	1	94,06	1,02**	0,36
G	89	5935,95	2683,17**	47,42	G	89	7,66	3,08**	2,44
GA	89	569,62	184,97*	54,78	GA	89	1,51	-0,02	3,46
Restfehler	160	384,65	384,65		Restfehler	161	1,53	1,53	
Heritabilität	90,4				Heritabilität	80,31			

Trockensubstanzgehalt [%]					Höhe [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	57,02	0,63**	0,23	A	1	4759,95	52,60**	1,52
G	89	3,06	1,23**	1,54	G	89	149,67	61,76**	10,16
GA	89	0,60	0,17*	1,83	GA	89	26,16	1,71	13,81
Restfehler	176	0,43	0,43		Restfehler	161	24,46	24,46	
Heritabilität	80,24				Heritabilität	82,52			

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	21244,33	235,98**	0,73	A	1	32723,24	362,82**	2,47
G	89	14,07	3,97**	4,92	G	89	440,82	185,71**	16,55
GA	89	6,13	0,25	6,77	GA	89	69,40	23,10*	19
Restfehler	162	5,88	5,88		Restfehler	159	46,30	46,30	
Heritabilität	56,43				Heritabilität	84,26			

Jugendentwicklung [cm]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	8241,94	91,37**	1,27	A	1	32164,74	356,41**	2,77
G	89	54,69	18,19**	8,50	G	89	434,53	173,53**	18,58
GA	89	18,31	-0,01	11,95	GA	89	87,46	29,5*	21,26
Restfehler	161	18,32	18,32		Restfehler	158	57,96	57,96	
Heritabilität	66,53				Heritabilität	79,87			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e A = Anbausystem

^f G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 14: Varianzanalyse der Denttesthybriden mit Standards über die Varianten Reinanbau und Mischkultur (Einbeck, 2012)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					Blühdatum [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A ^e	1	27448,12	304,33**	2,27	A	1	46,52	0,52**	0,07
G ^f	89	415,95	178,55**	15,24	G	89	2,68	1,32**	0,44
GA	89	58,85	7,37	20,02	GA	89	0,05	-0,09	1,05
Restfehler	179	51,47	51,47		Restfehler	162	0,14	0,14	
Heritabilität	85,85				Heritabilität	98,19			

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]					SPAD1				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	30728,35	333,57**	7,88	A	1	58,53	0,64**	0,32
G	89	14145,20	6718,92**	52,85	G	89	7,84	3,35**	2,12
GA	89	707,35	287**	57,26	GA	89	1,13	-0,33	3,38
Restfehler	162	420,35	420,35		Restfehler	162	1,46	1,46	
Heritabilität	95				Heritabilität	85,54			

Trockensubstanzgehalt [%]					Höhe [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	287,99	3,18**	0,36	A	1	13409,64	148,42**	2,14
G	89	10,93	4,72**	2,43	G	89	134,53	41,24**	14,33
GA	89	1,49	1,11**	1,73	GA	89	52,04	24,60**	14,63
Restfehler	161	0,38	0,38		Restfehler	162	27,44	27,44	
Heritabilität	86,35				Heritabilität	61,31			

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	25845,17	287,1**	0,73	A	1	34359,01	381,15**	2,20
G	89	25,11	9,51**	4,91	G	89	469,39	206,99**	14,79
GA	89	6,10	-0,15	6,98	GA	89	55,41	9,74	18,87
Restfehler	162	6,25	6,25		Restfehler	161	45,67	45,67	
Heritabilität	75,7				Heritabilität	88,2			

Jugendentwicklung [cm]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	11988,35	133,01**	1,23	A	1	35044,35	388,49**	2,65
G	89	37,14	9,95**	8,25	G	89	336,14	128,03**	17,78
GA	89	17,24	0,84	11,31	GA	89	80,08	25,68*	20,60
Restfehler	162	16,40	16,40		Restfehler	161	54,40	54,40	
Heritabilität	53,57				Heritabilität	76,18			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e A = Anbausystem

^f G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

3.4.2. Selektion von Testhybriden

Wie bereits in 2.6 beschrieben, wird in der praktischen Energiemaissortenzüchtung anhand eines Punktediagramms selektiert, in dem TSG und koEr sowie eine Selektionslinie dargestellt sind. Für jeden Versuchsteil wurde ein solches Diagramm erstellt (s. Abbildung 9 bis Abbildung 12). Daraufhin wurden die 20 Prüfglieder (Mutterlinien) selektiert, deren Testhybriden sich oberhalb der Selektionslinie befanden. Standards wurden nicht selektiert. Diese befinden sich in allen Versuchsteilen größtenteils unterhalb der Selektionslinie.

Im RA zeigen die Flinttesthybriden der Prüfglieder 1, 4, 7 und 89 die größte Entfernung zur Selektionslinie. In MK sind es 1, 4, 9, 18 und 23.

Bei der Selektion der Prüfglieder des Dentpools in MK trat ein Fehler auf, der im Nachhinein nicht mehr korrigierbar war. Es wurden an Stelle der Prüfglieder 26 und 68 die Prüfglieder 17 und 78 selektiert. Hier zeigen die Testhybriden der Prüfglieder 1, 7, 28 und 68 die höchste Entfernung zur Selektionslinie im RA und 7, 8, 28 und 36 in MK. Eine Zusammenfassung der selektierten Prüfglieder findet sich in Tabelle 15.

Im Flintpool wurden über die verschiedenen Anbausysteme hinweg 10 identische Prüfglieder selektiert. Die phänotypische Korrelation des RekoE zwischen RA und MK beträgt hier 0,57 und ist hochsignifikant (s. Tabelle 15).

Im Dentpool wurden trotz der fehlerhaften Selektion in der MK 11 identische Prüfglieder selektiert. Der RekoE im RA ist hier mit dem RekoE der MK mit 0,61 hochsignifikant phänotypisch korreliert (s. Tabelle 15).

Tabelle 15: Zusammenfassung aller selektierten Prüfglieder in 2012 (unterstrichene Prüfglieder wurden in Reinanbau und Mischkultur selektiert)

Versuchsteil	Selektierte Prüfglieder																				Ü ^a	RekoE RA~MK ^b
Flint ^c RA ^d	<u>1</u>	2	<u>3</u>	<u>4</u>	5	<u>7</u>	<u>8</u>	11	12	<u>18</u>	25	28	<u>47</u>	<u>52</u>	53	<u>66</u>	78	80	87	<u>89</u>	10	0,57**
Flint MK ^e	<u>1</u>	<u>3</u>	4	6	<u>7</u>	<u>8</u>	9	16	<u>18</u>	23	<u>47</u>	<u>52</u>	57	63	64	<u>66</u>	70	72	80	<u>89</u>		
Dent ^f RA	1	2	3	<u>4</u>	<u>7</u>	<u>8</u>	<u>9</u>	<u>25</u>	<u>28</u>	<u>36</u>	39	<u>56</u>	63	65	68	<u>69</u>	81	<u>83</u>	86	<u>87</u>	11	0,61**
Dent MK	4	5	6	<u>7</u>	<u>8</u>	<u>9</u>	17	<u>25</u>	<u>28</u>	29	<u>36</u>	38	54	<u>56</u>	<u>69</u>	72	<u>78</u>	83	<u>87</u>	88		

^a Ü = Prüfgliederanzahl die übereinstimmend in beiden Anbausystemen selektiert wurde

^b RekoE RA~MK = Phänotypische Korrelation von reifekorrigiertem Ertrag im Reinanbau mit reifekorrigiertem Ertrag in Mischkultur ohne Standards

^c Flint = Flinttesthybride

^d RA = im Reinanbau

^e MK = in Mischkultur

^f Dent = Denttesthybride

Signifikanzniveau: ** p = 0,01

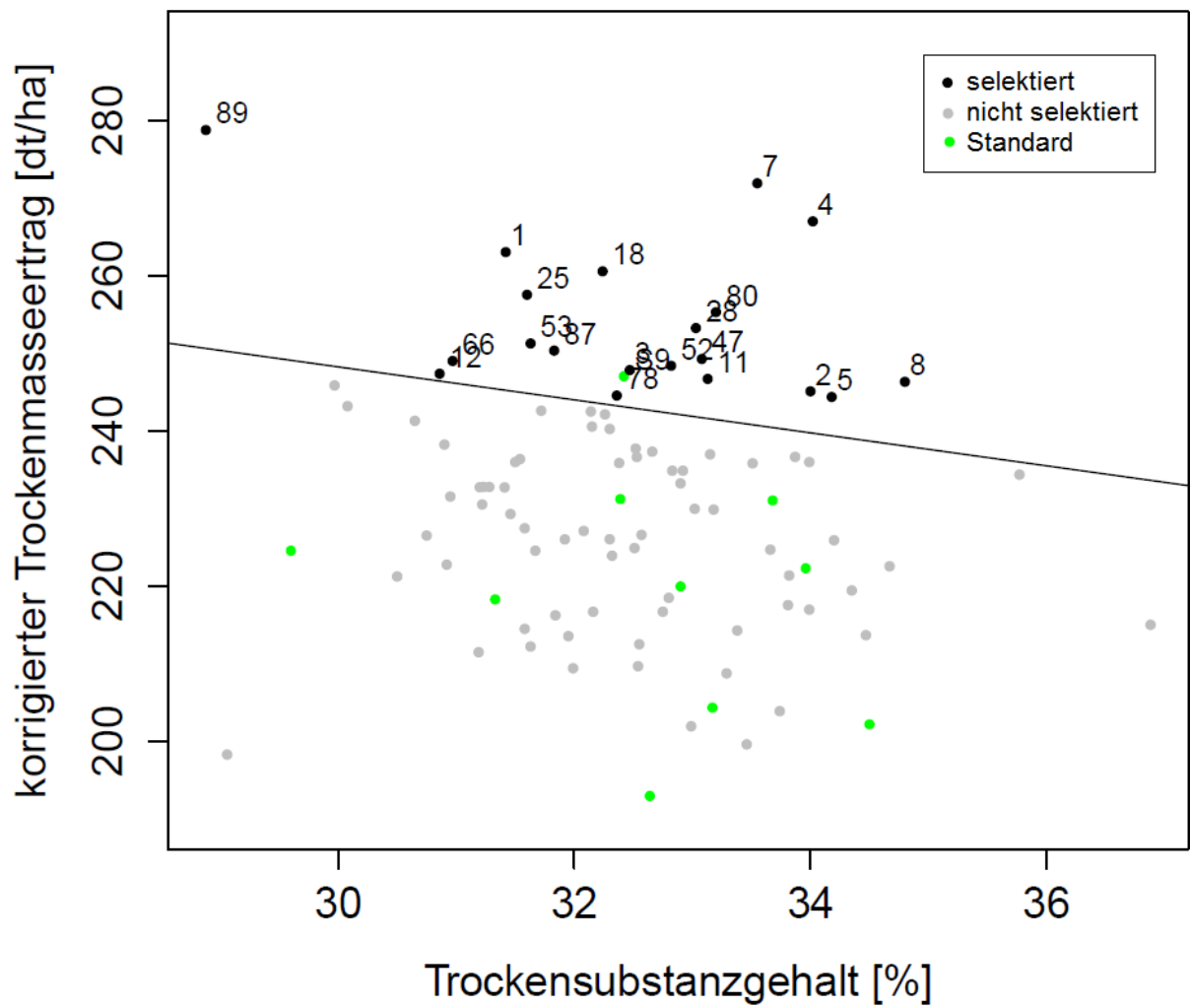


Abbildung 9: Selektionsplot - Flinttesthybriden im Reinanbau (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

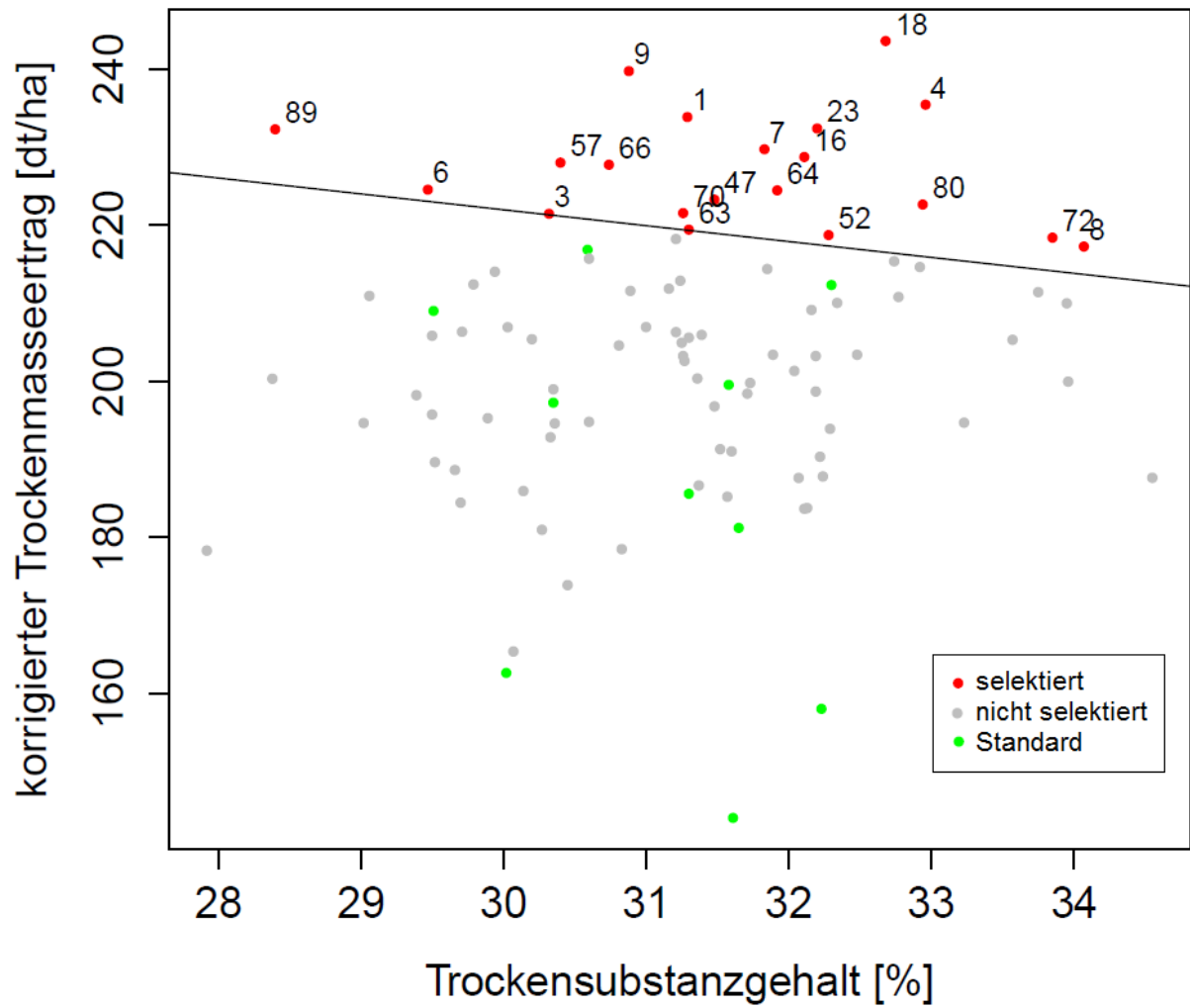


Abbildung 10: Selektionsplot - Flinttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

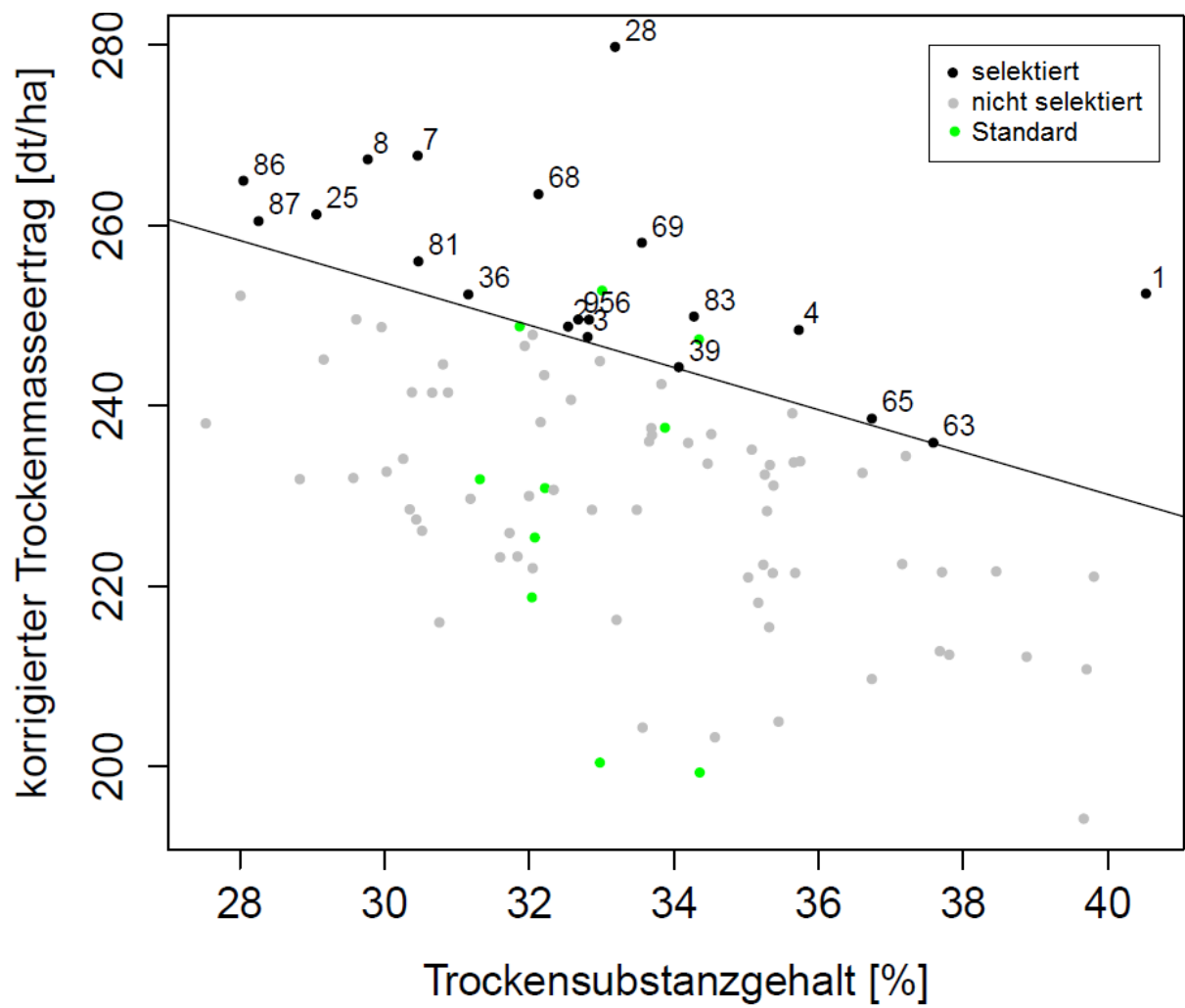


Abbildung 11: Selektionsplot - Denttesthybriden im Reinanbau (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

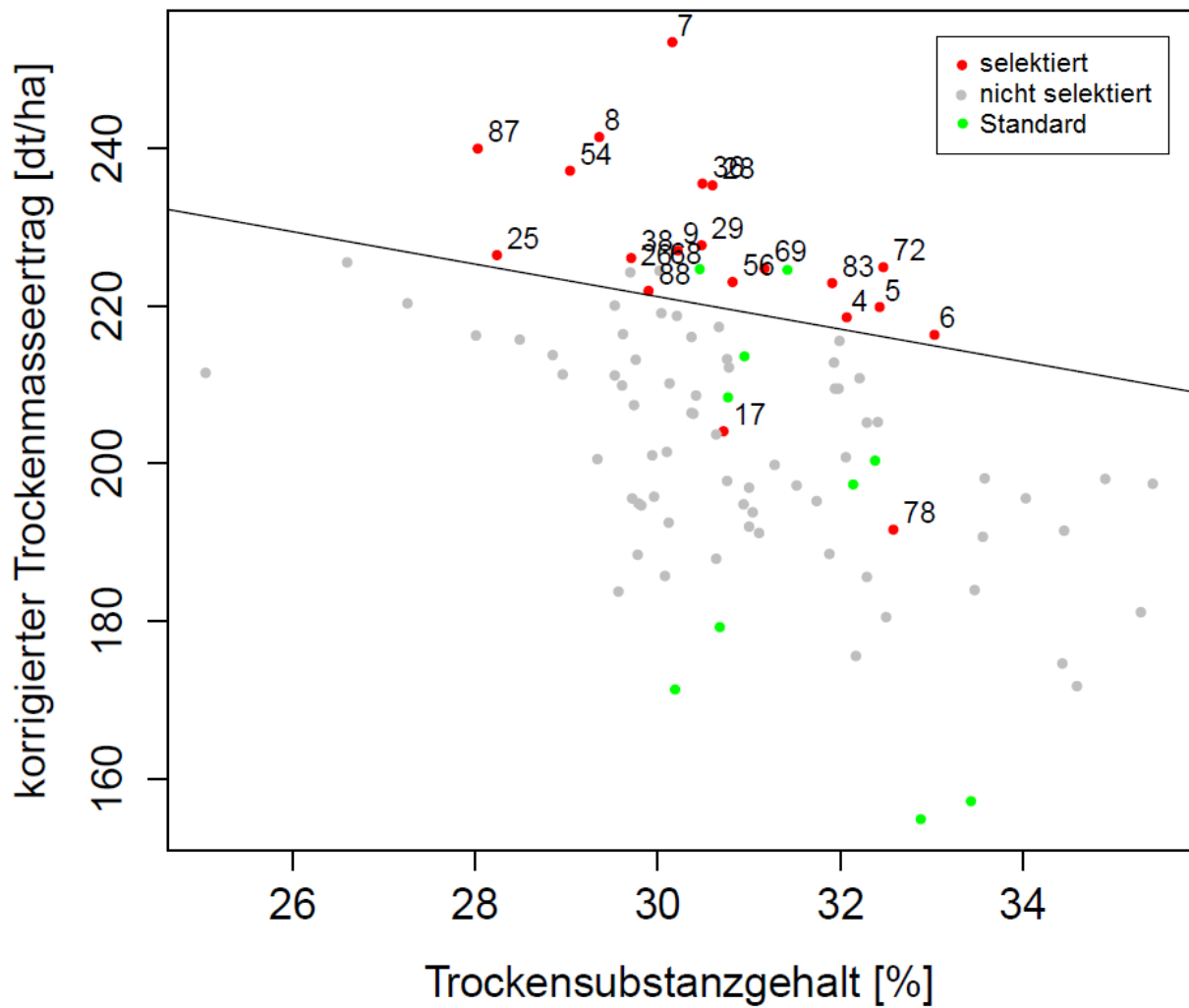


Abbildung 12: Selektionsplot - Denttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, 2012) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

3.5. Variation der Testkreuzungen 2013 und Selektion

3.5.1. Varianzanalysen und Merkmalskorrelationen

Die Verrechnung der Einzelversuche zeigt einen hoch signifikanten Einfluss des Genotyps für alle Orte bei jedem Merkmal außer den SPAD2-Messungen und dem RekoE in der Variante RA in Göttingen (s. Anhang: Tabelle 43 bis 50). Wichtige statistische Parameter aus den Verrechnungen der einzelnen Genpools sind über die Standorte Göttingen und Einbeck in Tabelle 16 dargestellt.

Insgesamt sind die Heritabilitäten für alle Merkmale in der MK viel höher als im RA. Die Heritabilitäten aller Erträge sind sehr gering. Die Heritabilität des TME wird durch die Korrektur mit der Pflanzenanzahl gesenkt. Der RekoE hat mit Ausnahme der Flinttesthybriden in MK immer geringere Heritabilitäten als der koEr. Die Anzahl der Maispflanzen hat eine hohe Heritabilität von 0,85 - 0,92 und deckt sich im Mittel nur bei den Flinttesthybriden im RA mit den Sollpflanzen. Die SPAD1-Werte zeigen im Gegensatz zu den SPAD2-Werten durchaus hohe Heritabilitäten von 0,49 - 0,94. Die Heritabilitäten der SunScan Messungen sind mit 0 - 0,45 gering.

Eine Korrelationsmatrix der Merkmale ist in Tabelle 17 dargestellt. Alle signifikanten Korrelationen, die in beiden Genpools gefunden wurden, sind höher im Pool der Flinttesthybriden. Der TME ist mit folgenden Merkmalen hochsignifikant korreliert: FME (0,6 - 0,81), Höhe (0,63), koEr (0,68 - 0,89) und RekoE (0,61 - 0,89).

Der FME ist nur bei den Denttesthybriden signifikant mit der Pflanzenanzahl (0,55 - 0,66) und Höhe (0,56 - 0,63) korreliert. Eine signifikante Korrelation von FME und Blüte (0,48 - 0,57) und RekoE (0,46 - 0,49) konnte nur bei den Flinttesthybriden nachgewiesen werden. Des Weiteren ist der FME signifikant mit dem TSG ((-0,5) - (-0,75)) korreliert. Signifikante Korrelationen der Höhe mit dem RekoE finden sich nur im Flintpool (0,45 - 0,69). Der koEr ist hochsignifikant mit dem RekoE korreliert (0,87 - 0,96).

Die Varianzanalysen der Flinttesthybriden im RA (s. Tabelle 18) zeigen einen signifikanten Effekt des Standorts bei allen Merkmalen, ausgenommen Pflanzenanzahl, SPAD1 und den SunScan Messungen. Der Genotyp ist als Varianzursache nur bei den Merkmalen TSG, Pflanzenanzahl, Blüte, SPAD1 und Höhe signifikant. Signifikante Interaktionen zwischen Genotyp und Standort konnten bei TME, FME, TSG, Höhe, SunScan, koEr und RekoE nachgewiesen werden. Alle weiteren Merkmale zeigen eine signifikante Interaktion.

Tabelle 16: Flint- und Denttesthybriden im RA und in MK: Wiederholbarkeit, Grenzdifferenz, Mittelwert aller bonitierten Merkmale (Einbeck und Göttingen, 2013)

Versuchsteil	TME ^a [dt/ha]	FME ^b [kg/Parzelle]	TSG ^c [%]	Anzahl [Pflanzen/ Parzelle]	Jugend- entwicklung [cm]	Blüte [Tage nach Aussaat]	SPAD1	SPAD2	Höhe [cm]	SunScan [%]	koEr ^d [dt/ha]	RekoE ^e [dt/ha]
Flint im RA												
Heritabilität	10,91	32,02	80,76	85,47	73,14	88,01	68,92	0,00	72,52	0,00	7,60	9,03
Grenzdifferenz	32,52	10,05	2,73	5,85	6,58	1,38	2,61	3,49	14,41	9,75	35,09	37,91
Mittelwert	218,32	52,4	37,85	94,42	81,90	88,14	50,03	37,35	311,95	17,91	220,42	217
Flint in MK												
Heritabilität	86,81	93,47	96,07	91,99	94,12	93,86	94,10	6,14	91,64		89,45	88,19
Grenzdifferenz	11,28	3,01	0,88	4,03	3,14	0,84	1,17	1,55	7,17		10,29	10,55
Mittelwert	220,66	54,93	36,98	77,80	88,72	87,24	52,38	40,11	319,69		218,49	213,82
Dent im RA												
Heritabilität	54,46	76,83	91,93	82,19	48,42	67,25	49,45	37,11	81,05	44,69	28,81	48,43
Grenzdifferenz	21,69	4,95	2,11	8,39	8,13	1,64	2,76	3,43	11,63	8,63	21,80	22,79
Mittelwert	191,63	42,85	40,83	84,90	84,73	84,69	51,86	37,78	291,77	19,05	204,64	207,60
Dent in MK												
Heritabilität	91,35	97,9	98,49	86,99	83,7	87,82	86,07	34,22	95,39		91,34	92,07
Grenzdifferenz	8,54	1,55	0,90	5,43	4,22	0,78	1,24	1,40	5,87		7,76	8,69
Mittelwert	190,86	43,05	40,65	70,70	90,11	84,35	53,35	40,03	298,91		198,29	201,29

^a TME = Trockenmasseertrag

^b FME = Frischmasseertrag

^c TSG = Trockensubstanzgehalt

^d koEr = korrigierter Ertrag

^e RekoE = reifekorrigierter Ertrag

^f RA = Reinanbau

^g MK = Mischkultur

Tabelle 17: Korrelationsmatrix Flint- und Denttesthybriden im Reinanbau und in Mischkultur aller bonitierten Merkmale (Einbeck, Göttingen 2013)

	TME ^a	FME ^b	TSG ^c	Anzahl ^d	Jugend ^e	Blüte	SPAD1	SPAD2	Höhe	Sun-Scan	koEr ^f
Flint im Reinanbau											
FME	0,68**										
TSG	0,22	-0,50*									
Anzahl	0,23	0,05	0,28								
Jugend	0,23	0,25	-0,04	-0,22							
Blüte	0,16	0,57**	-0,51*	-0,17	-0,23						
SPAD1	0,44	0,39	-0,02	0,03	0,31	0,29					
SPAD2	-0,07	-0,21	-0,02	-0,02	0,07	-0,31	-0,09				
Höhe	0,39	0,11	0,29	0,01	0,35	0,04	0,39	-0,04			
SunScan	-0,15	-0,23	0,04	0,09	-0,21	-0,23	-0,07	0,18	0,18		
koEr	0,89**	0,68**	0,08	-0,24	0,34	0,26	0,40	-0,10	0,37	-0,17	
RekoE ^g	0,89**	0,46*	0,40	-0,12	0,30	0,06	0,37	-0,10	0,45*	-0,15	0,94**
Flint in Mischkultur											
FME	0,81**										
TSG	-0,23	-0,75**									
Anzahl	0,29	0,17	0,03								
Jugend	0,10	0,03	0,12	-0,07							
Blüte	0,33	0,48*	-0,45*	-0,14	-0,48*						
SPAD1	0,26	0,51*	-0,51*	-0,40	0,17	0,21					
SPAD2	-0,15	-0,18	0,14	0,25	0,08	-0,29	0,03				
Höhe	0,63**	0,41	0,07	-0,02	0,35	0,15	0,07	-0,51*			
koEr	0,8**	0,70**	-0,25	-0,34	0,14	0,42	0,49*	-0,34	0,65**		
RekoE	0,76**	0,49*	0,05	-0,34	0,18	0,29	0,35	-0,31	0,69**		0,96**
Dent im Reinanbau											
FME	0,64**										
TSG	0,12	-0,68**									
Anzahl	0,66**	0,44	0,03								
Jugend	0,30	0,28	-0,05	0,40							
Blüte	0,07	0,42	-0,47*	-0,19	-0,20						
SPAD1	0,13	0,14	-0,02	-0,21	-0,24	0,19					
SPAD2	-0,22	-0,13	-0,03	-0,29	-0,13	0,34	0,31				
Höhe	0,31	0,63**	-0,51*	-0,07	-0,11	0,48*	0,21	-0,07			
SunScan	-0,36	-0,49*	0,32	-0,33	-0,05	-0,22	0,15	0,40	-0,24		
koEr	0,68**	0,42	0,11	-0,11	0,00	0,27	0,39	0,00	0,46*	-0,15	
RekoE	0,61**	0,01	0,58**	-0,08	-0,02	-0,00	0,31	0,01	0,12	0,03	0,87**
Dent in Mischkultur											
FME	0,60**										
TSG	0,08	-0,75**									
Anzahl	0,55*	0,33	0,06								
Jugend	0,44	0,48*	-0,21	0,38							
Blüte	0,05	0,27	-0,31	-0,05	-0,30						
SPAD1	-0,26	-0,07	-0,09	-0,28	0,15	-0,11					
SPAD2	-0,21	-0,07	-0,09	0,09	-0,07	-0,16	0,17				
Höhe	-0,05	0,56*	-0,74**	-0,19	0,06	0,46*	0,18	0,06			
koEr	0,72**	0,45*	0,03	-0,19	0,24	0,07	-0,07	-0,34	0,12		
RekoE	0,65**	0,01	0,52*	-0,13	0,10	-0,10	-0,10	-0,33	-0,26		0,87**

^a TME = Trockenmasseertrag

^b FME = Frischmasseertrag

^c TSG = Trockensubstanzgehalt

^d Anzahl = Anzahl Maispflanzen/Parzelle

^e Jugend = Jugendentwicklung

^f koEr = korrigierter Ertrag

^g RekoE = reifekorrigierter Ertrag

Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 18: Varianzanalyse der Flinttesthybriden im Reinanbau über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d
S ^e	1	3254,23	150,63**	10,29
G ^f	19	271,05	14,79	32,52
GS	19	241,48	159,33**	25,56
Restfehler	71	82,14	82,14	
Heritabilität	10,91			

Frischmasseertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	829,28	40,31**	3,18
G	19	33,93	5,43	10,05
GS	19	23,07	16,67**	7,13
Restfehler	72	6,39	6,39	
Heritabilität	32,02			

Trockensubstanzgehalt [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	989,73	49,40**	0,86
G	19	8,82	3,56**	2,73
GS	19	1,70	0,97**	2,39
Restfehler	83	0,72	0,72	
Heritabilität	80,76			

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	8,12	0,02	1,85
G	19	53,80	22,99**	5,85
GS	19	7,82	-3,94	9,67
Restfehler	72	11,75	11,75	
Heritabilität	85,47			

Jugendentwicklung [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	1543,81	76,70**	2,08
G	19	36,83	13,47**	6,58
GS	19	9,89	-2,90	10,08
Restfehler	72	12,79	12,79	
Heritabilität	73,14			

Blühdatum [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	183,53	9,15**	0,44
G	19	3,64	1,60**	1,38
GS	19	0,44	-0,17	2,19
Restfehler	72	0,60	0,60	
Heritabilität	88,01			

SPAD1				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	0,12	-0,07	0,82
G	19	4,99	1,72**	2,61
GS	19	1,55	0,47	2,93
Restfehler	72	1,08	1,08	
Heritabilität	68,92			

SPAD2				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	1350,13	67,37**	1,10
G	19	2,08	-0,35	3,49
GS	19	2,78	0,62	4,15
Restfehler	72	2,17	2,17	
Heritabilität	0,00			

Höhe [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	6865,45	340,90**	4,56
G	19	172,61	62,59**	14,41
GS	19	47,43	19,45+	14,92
Restfehler	69	27,98	27,98	
Heritabilität	72,52			

SunScan [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	57,12	1,77	3,08
G	19	12,15	-4,76	9,75
GS	19	21,68	9,78*	9,73
Restfehler	72	11,90	11,90	
Heritabilität	0			

Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	3771,56	174,53**	11,09
G	19	304,13	11,56	35,09
GS	19	281,00	209,04**	23,92
Restfehler	71	71,97	71,97	
Heritabilität	7,60			

Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	3870,47	177,12**	11,99
G	19	360,54	16,27	37,91
GS	19	328,00	241,26**	26,26
Restfehler	71	86,74	86,74	
Heritabilität	9,03			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e S = Standort

^f G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Bei der Varianzanalyse der Flinttesthybriden in MK (s. Tabelle 19) treten neben den Orten als Varianzursache die verschiedenen Bohnensorten auf. In dieser Analyse konnte der Standort als signifikante Varianzursache für alle Merkmale außer TSG, SPAD2, koEr und RekoE bestätigt werden. Alle Merkmale außer TME, koEr und RekoE wurden signifikant von der Bohnensorte beeinflusst. Der Genotyp übte lediglich auf den SPAD2-Wert keinen signifikanten Einfluss aus. Die Analyse der Bohnensorte x Standort Interaktion zeigte signifikante Einflüsse für TSG, Jugendentwicklung, Blüte und SPAD2. Es wurden keine signifikanten Genotyp x Bohnensorte Interaktionen gefunden. Die Genotyp x Standort Interaktion ist für TME, FME, TSG, Pflanzenzahl und SPAD1 signifikant.

Bei der Varianzanalyse der Denttesthybriden im RA (s. Tabelle 20) wurde die Varianzursache Standort bei allen Merkmalen außer der Pflanzenanzahl als signifikant nachgewiesen. Der Genotyp war lediglich für die SPAD2- und SunScan-Messungen nicht signifikant. Eine Genotyp x Standort Interaktion konnte nur für SPAD1 nachgewiesen werden. Bei der Varianzanalyse der Denttesthybriden in MK (s. Tabelle 21) konnte bei allen Merkmalen ein signifikanter Einfluss des Standortes, des Genotyps und der Bohnensorte nachgewiesen werden. Lediglich der Einfluss der Bohnensorte auf die Anzahl und Blüte der Maispflanzen und der Einfluss des Genotyps auf die SPAD2-Werte war nicht signifikant.

Ein signifikanter Einfluss der Interaktion zwischen Bohne und Standort konnte bei allen Merkmalen außer TME und RekoE festgestellt werden.

Für die Interaktion Genotyp x Bohne konnte lediglich ein schwach signifikanter Einfluss auf den koEr festgestellt werden. Die einzigen Merkmale, welche keine signifikante Genotyp x Standort Interaktion zeigen sind TME und SPAD1.

Tabelle 19: Varianzanalyse der Flinttesthybriden in Mischkultur über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					SPAD1				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S ^e	1	2050,79	32,63**	3,57	S	1	40,74	0,66**	0,37
B ^f	2	145,99	1,32	4,37	B	2	12,07	0,28**	0,45
G ^g	19	706,39	102,2**	11,28	G	19	17,10	2,68**	1,17
BS	2	95,14	0,10	6,18	BS	2	0,57	-0,02	0,64
GB	38	91,05	-1,07	19,54	GB	38	1,07	0,03	2,03
GS	19	200,89	35,9*	15,96	GS	19	1,44	0,14	1,66
GBS	38	93,18	93,18		GBS	38	1,01	1,01	
Total	119				Total	119			
Heritabilität	86,81				Heritabilität	94,1			

Fortsetzung von Tabelle 19:

Frischmasseertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	8097,69	134,85**	0,95
B	2	36,74	0,75**	1,17
G	19	101,65	15,83**	3,01
BS	2	6,85	0,01	1,65
GB	38	7,18	0,27	5,22
GS	19	14,77	2,71*	4,26
GBS	38	6,64	6,64	
Total	119			
Heritabilität	93,47			

Trockensubstanzgehalt [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	2806,23	46,76	0,28
B	2	4,87	0,11**	0,34
G	19	14,36	2,30**	0,88
BS	2	5,87	0,27**	0,48
GB	38	0,60	0,02	1,52
GS	19	1,66	0,37**	1,24
GBS	38	0,56	0,56	
Total	119			
Heritabilität	96,07			

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	9689,96	161,30*	1,28
B	2	43,53	0,79*	1,56
G	19	148,52	22,77**	4,03
BS	2	1,40	-0,53	2,21
GB	38	9,76	-1,07	6,98
GS	19	46,17	11,42**	5,70
GBS	38	11,90	11,90	
Total	119			
Heritabilität	91,99			

Jugendentwicklung [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	337,21	5,5**	0,99
B	2	889,89	22,07*	1,22
G	19	122,95	19,28**	3,14
BS	2	462,48	22,76**	1,72
GB	38	10,80	1,79	5,44
GS	19	11,17	1,32	4,44
GBS	38	7,22	7,22	
Total	119			
Heritabilität	94,12			

Blühdatum [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	354,49	5,90*	0,27
B	2	3,44	0,07**	0,33
G	19	8,49	1,33**	0,84
BS	2	3,80	0,16**	0,46
GB	38	0,54	0,01	1,46
GS	19	1,10	0,19*	1,19
GBS	38	0,52	0,52	
Total	119			
Heritabilität	93,86			

SPAD2				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	8384,75	139,72	0,49
B	2	21,64	0,50**	0,60
G	19	1,88	0,02	1,55
BS	2	13,73	0,60**	0,85
GB	38	1,26	-0,25	2,69
GS	19	1,59	-0,06	2,20
GBS	38	1,77	1,77	
Total	119			
Heritabilität	6,14			

Höhe [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	25820,0	429,71*	2,27
B	2	766,61	18,22**	2,78
G	19	450,18	68,76**	7,17
BS	2	578,11	27,02**	3,93
GB	38	31,52	-3,06	12,42
GS	19	59,38	7,24	10,14
GBS	38	37,65	37,65	
Total	119			
Heritabilität	91,64			

Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	4,29	-1,22	3,26
B	2	39,22	-0,96	3,99
G	19	735,28	109,62**	10,29
BS	2	84,43	0,34	5,64
GB	38	78,49	0,45	17,83
GS	19	115,81	12,74	14,56
GBS	38	77,59	77,59	
Total	119			
Heritabilität	89,45			

Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	35,12	-0,77	3,34
B	2	25,72	-1,39	4,09
G	19	689,88	101,40**	10,55
BS	2	21,45	-3,00	5,78
GB	38	87,55	3,05	18,27
GS	19	137,62	18,72+	14,92
GBS	38	81,46	81,46	
Total	119			
Heritabilität	88,19			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e S = Standort

^f B = Bohnensorte

^g G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 20: Varianzanalyse der Denttesthybriden im Reinanbau über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					SPAD1				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S ^e	1	673,30	28,29*	6,86	S	1	6,15	0,22+	0,87
G ^f	19	235,86	64,22*	21,69	G	19	3,44	0,85+	2,76
GS	19	107,41	25,26	25,56	GS	19	1,74	0,66+	2,93
Restfehler	71	82,14	82,14		Restfehler	72	1,08	1,08	
Heritabilität	54,46				Heritabilität	49,45			
Frischmasseertrag [dt/ha]					SPAD2				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	656,10	32,53**	1,56	S	1	1284,94	64,11**	1,08
G	19	24,10	9,26**	4,95	G	19	4,27	0,79	3,43
GS	19	5,58	-0,81	7,13	GS	19	2,69	0,52	4,15
Restfehler	72	6,39	6,39		Restfehler	72	2,17	2,17	
Heritabilität	76,83				Heritabilität	37,11			
Trockensubstanzgehalt [%]					Höhe [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	889,72	44,44**	0,67	S	1	6569,74	326,94**	3,68
G	19	12,63	5,81**	2,11	G	19	162,99	66,05**	11,63
GS	19	1,02	0,30	2,39	GS	19	30,88	2,90	14,92
Restfehler	83	0,72	0,72		Restfehler	69	27,98	27,98	
Heritabilität	91,93				Heritabilität	81,05			
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					SunScan [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	24,01	0,40	2,65	S	1	50,83	1,69+	2,73
G	19	90,15	37,04**	8,39	G	19	30,71	6,86	8,63
GS	19	16,06	4,30	9,67	GS	19	16,98	5,08	9,73
Restfehler	72	11,75	11,75		Restfehler	72	11,90	11,90	
Heritabilität	82,19				Heritabilität	44,69			
Jugendentwicklung [cm]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	2124,89	105,49**	2,57	S	1	435,47	16,35+	6,89
G	19	29,23	7,08+	8,13	G	19	152,39	21,95	21,80
GS	19	15,08	2,28	10,08	GS	19	108,48	36,51	23,92
Restfehler	72	12,79	12,79		Restfehler	71	71,97	71,97	
Heritabilität	48,42				Heritabilität	28,81			
Blühdatum [Tage nach Aussaat]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	170,94	8,52**	0,52	S	1	382,79	13,21+	7,21
G	19	1,88	0,63**	1,64	G	19	229,95	55,68+	22,79
GS	19	0,61	0,01	2,19	GS	19	118,60	31,86	26,26
Restfehler	72	0,60	0,60		Restfehler	71	86,74	86,74	
Heritabilität	67,25				Heritabilität	48,43			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e S = Standort

^f G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 21: Varianzanalyse der Denttesthybriden in Mischkultur über die Standorte (Einbeck, Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					SPAD1				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S ^e	1	1437,08	23,06**	2,70	S	1	17,38	0,27**	0,39
B ^f	2	219,19	4,15*	3,31	B	2	10,20	0,23**	0,48
G ^g	19	616,35	93,83**	8,54	G	19	8,14	1,17**	1,24
BS	2	23,49	-1,49	4,68	BS	2	4,77	0,18*	0,68
GB	38	55,89	1,28	14,79	GB	38	1,44	0,15	2,16
GS	19	46,24	-2,37	12,07	GS	19	1,39	0,09	1,76
GBS	38	53,34	53,34		GBS	38	1,13	1,13	
Total	119				Total	119			
Heritabilität	91,35				Heritabilität	86,07			

Frischmasseertrag [dt/ha]					SPAD2				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	3441,34	57,33**	0,43	S	1	8593,84	143,21**	0,44
B	2	24,35	0,56**	0,52	B	2	25,77	0,61**	0,54
G	19	84,24	13,75**	1,62	G	19	2,18	0,12	1,40
BS	2	18,89	0,86**	0,74	BS	2	4,96	0,18*	0,77
GB	38	2,10	0,17	2,81	GB	38	1,56	0,06	2,42
GS	19	8,99	2,41**	2,29	GS	19	2,46	0,34+	1,98
GBS	38	1,77	1,77		GBS	38	1,43	1,43	
Total	119				Total	119			
Heritabilität	97,90				Heritabilität	34,22			

Trockensubstanzgehalt [%]					Höhe [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	2177,63	36,28**	0,28	S	1	19219,6	319,91**	1,86
B	2	23,35	0,57**	0,35	B	2	384,51	8,98**	2,27
G	19	38,96	6,40**	0,90	G	19	547,20	87,00**	5,87
BS	2	10,18	0,48**	0,49	BS	2	372,88	17,38**	3,22
GB	38	0,71	0,06	1,55	GB	38	30,35	2,56	10,17
GS	19	2,22	0,54**	1,27	GS	19	63,07	12,61**	8,30
GBS	38	0,59	0,59		GBS	38	25,23	25,23	
Total	119				Total	119			
Heritabilität	98,49				Heritabilität	95,39			

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	4222,28	70,01**	1,72	S	1	1079,40	17,26**	2,45
B	2	46,98	0,64	2,10	B	2	380,14	8,40**	3,00
G	19	165,66	24,02**	5,43	G	19	508,63	77,43**	7,76
BS	2	80,87	2,97*	2,97	BS	2	210,71	8,33*	4,25
GB	38	20,28	-0,64	9,40	GB	38	68,09	12,02+	13,44
GS	19	51,16	9,87*	7,67	GS	19	86,75	14,23*	10,97
GBS	38	21,55	21,55		GBS	38	44,05	44,05	
Total	119				Total	119			
Heritabilität	86,99				Heritabilität	91,34			

Jugendentwicklung [cm]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	1437,70	23,74**	1,33	S	1	1931,70	31,27**	2,75
B	2	311,65	7,47**	1,63	B	2	588,82	13,34**	3,36
G	19	79,88	11,14**	4,22	G	19	696,62	106,9**	8,69
BS	2	299,95	14,35**	2,31	BS	2	106,30	2,55	4,76
GB	38	13,21	0,10	7,30	GB	38	82,03	13,40	15,05
GS	19	21,57	2,85+	5,96	GS	19	99,33	14,7 +	12,28
GBS	38	13,02	13,02		GBS	38	55,24	55,24	
Total	119				Total	119			
Heritabilität	83,7				Heritabilität	92,07			

Fortsetzung von Tabelle 21:

Blühdatum [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	313,18	5,21**	0,25
B	2	0,78	0,01	0,30
G	19	3,69	0,54**	0,78
BS	2	4,55	0,21*	0,43
GB	38	0,57	0,06	1,36
GS	19	1,21	0,26**	1,11
GBS	38	0,45	0,45	
Total	119			
Heritabilität	87,82			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, $p = 0,05$

^e S = Standort

^f B = Bohnensorte

^g G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: + $p = 0,01$; * $p = 0,05$; ** $p = 0,01$

3.5.2. Selektion von Testhybriden

Die Punktdiagramme für die Selektion der Mutterlinien sind im Folgenden dargestellt (s. Abbildung 13 bis 16). Alle selektierten Mutterlinien sind in Tabelle 22 zusammengefasst.

Tabelle 22: Zusammenfassung aller selektierten Mutterlinien in 2013

Genpool und Anbausystem	Selektierte Mutterlinien #					In beiden Varianten selektiert
Flinttesthybriden im Reinanbau	1	2	3	4	5	1
Flinttesthybriden in Mischkultur	1	6	7	8	9	
Denttesthybriden im Reinanbau	1	2	3	4	9	0
Denttesthybriden in Mischkultur	4	5	6	7	8	

Bei der Selektion der Flinttesthybriden zeigen die Testhybriden einen erhöhten TSG und koEr im Vergleich zu den Standards (s. Abbildung 13 und 14). Die Denttesthybriden hingegen bilden bei beiden Merkmalen eine homogene Gruppe mit den Standards (s. Abbildung 15 und Abbildung 16).

Im RA und MK zeigte wie im Vorjahr die Flinttesthybride der Mutterlinie 1 eine hohe Entfernung zur Selektionslinie (s. Abbildung 9 und Abbildung 10). Bei der Selektion der Flinttesthybriden in MK (s. Abbildung 14) wurde auf die Selektion von Genotyp 89 verzichtet, da dieser an anderen Standorten der KWS SAAT AG Schwächen in agronomischen Eigenschaften zeigte.

Da Prüfglied 3 im RA vergleichsweise hohe Erträge erzielte (s. Abbildung 13) und er in MK sehr ähnlich Prüfglied 7 war, wurde in der MK Prüfglied 7 an Stelle von Prüfglied 3 selektiert. Bei der Selektion der Denttesthybriden in RA (s. Abbildung 15) wurde auf die Selektion von Prüfglied 56 verzichtet, da dieser an anderen Standorten der KWS SAAT AG Schwächen in agronomischen Eigenschaften zeigte. Hier zeigten die Prüfglieder 1, 2, 3 und 56 die höchste Entfernung zur Selektionslinie. Die Testhybride der Mutterlinie 1 zeigte bereits im Vorjahr eine hohe Leistung (s. Abbildung 11).

In der MK waren es die Prüfglieder 5, 6, 8 wobei die Testhybride der Mutterlinie 8 schon im Vorjahr im oberen Feld der selektierten Prüfglieder zu finden war (s. Abbildung 12). Da Prüfglied 7 und 8 in MK vergleichsweise hohe Erträge erzielten (s. Abbildung 16) und sie im RA im Vergleich zu anderen Prüfgliedern schwächer waren, wurden im RA Prüfglied 7 und 8 nicht selektiert. Um ein Gleichgewicht in Bezug auf den TSG zu erhalten und Prüfglied 9 an weiteren Standorten der KWS SAAT AG nur geringe Schwächen zeigte, wurde Prüfglied 9 an Stelle von Prüfglied 56, 69, 83 selektiert.

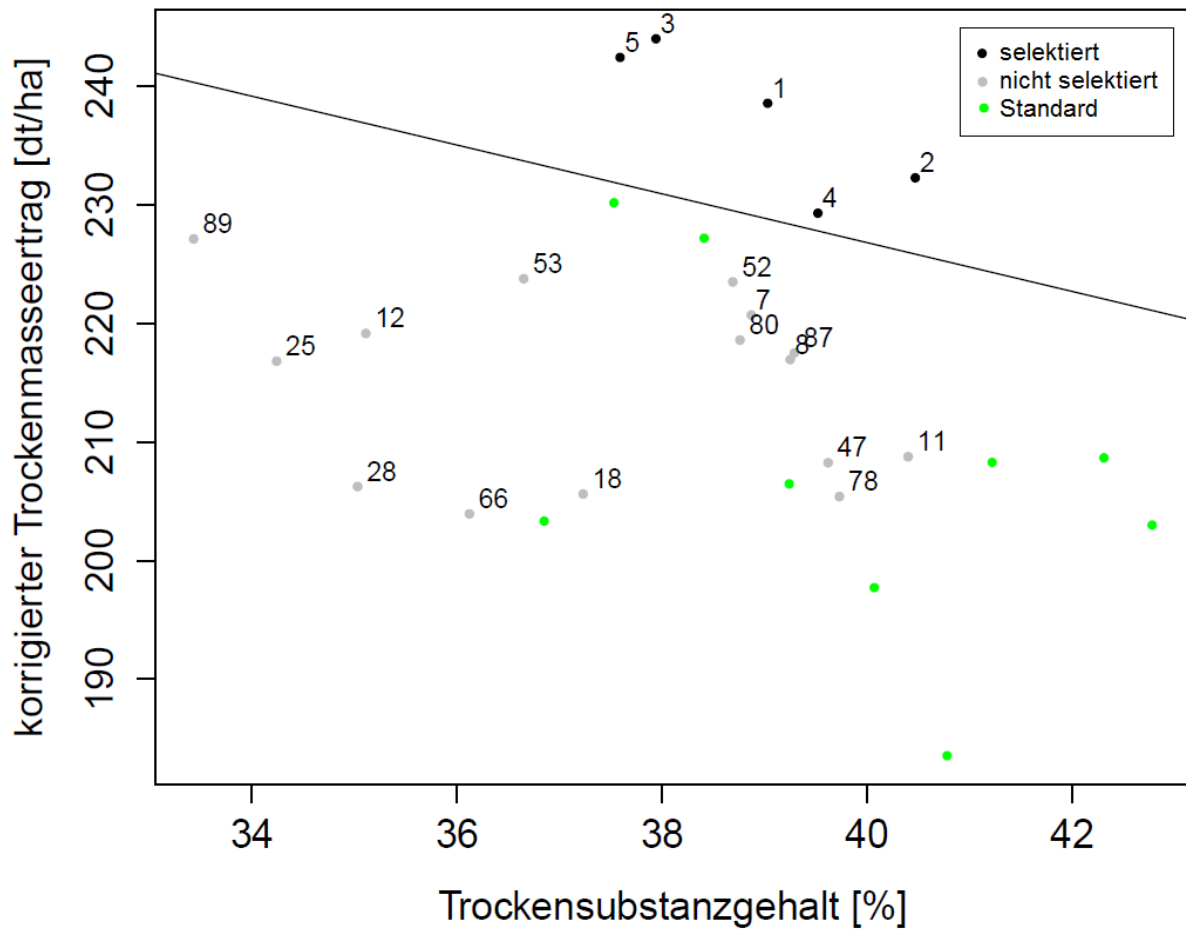


Abbildung 13: Selektionsplot - Flintesthybriden im Reinanbau (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

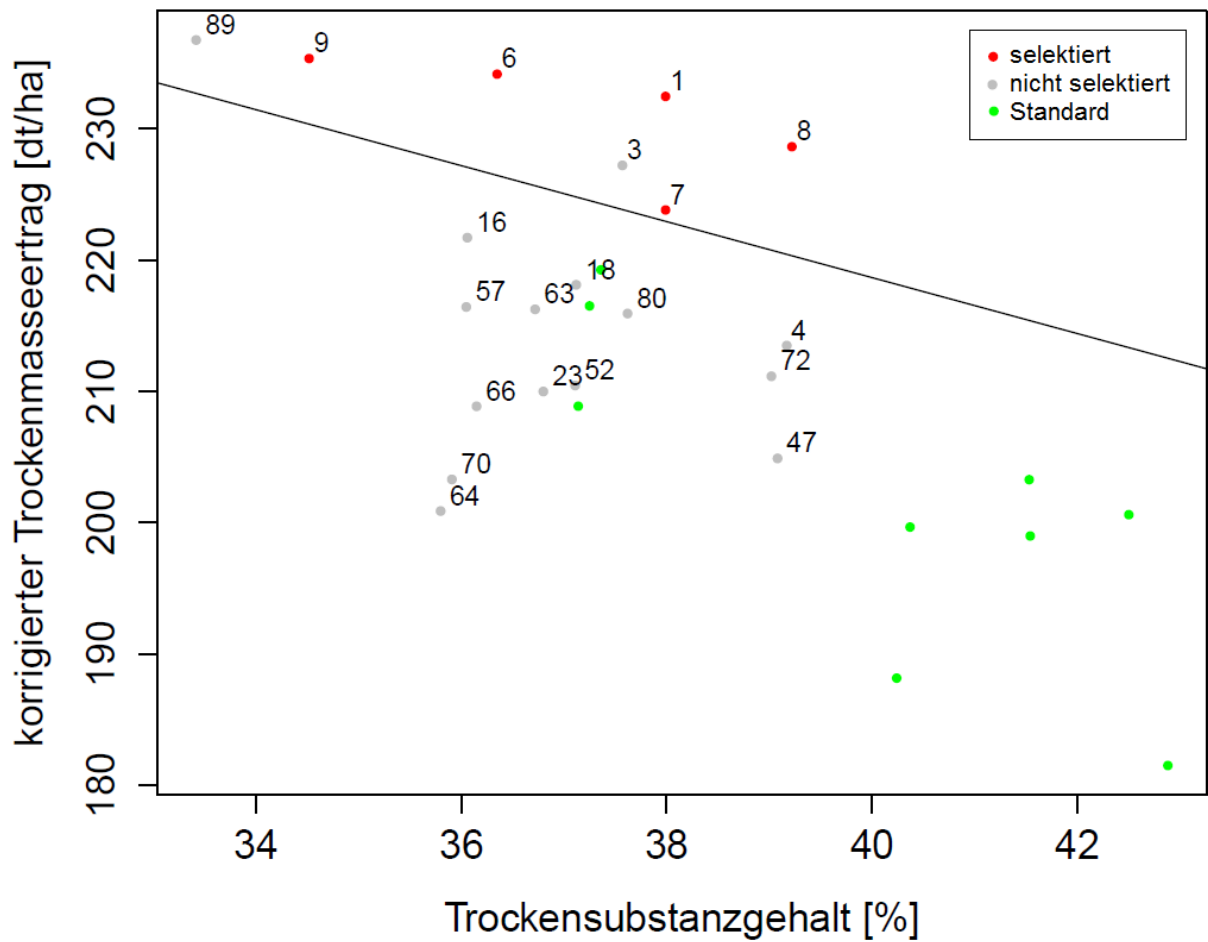


Abbildung 14: Selektionsplot - Flinttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

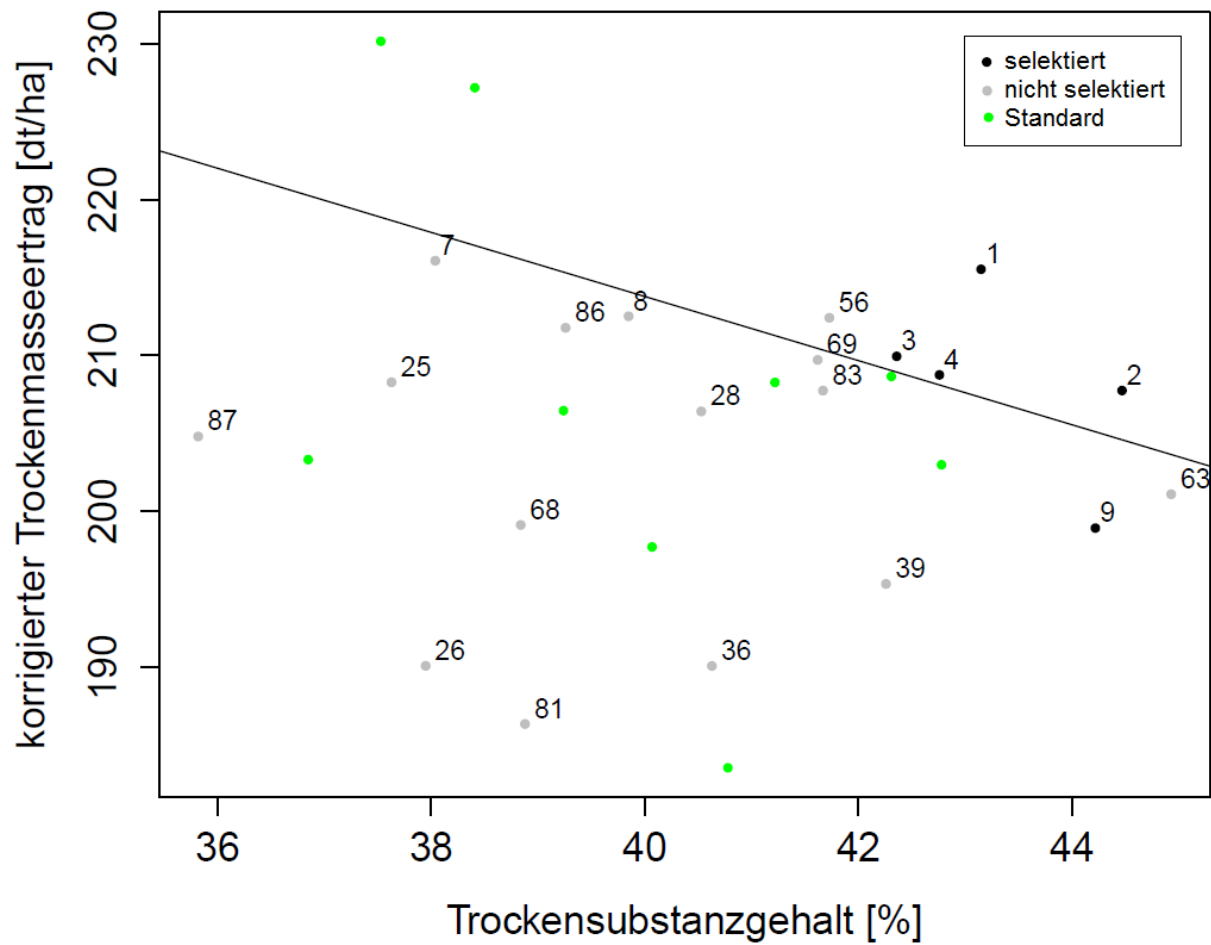


Abbildung 15: Selektionsplot - Denttesthybriden in Reinanbau (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

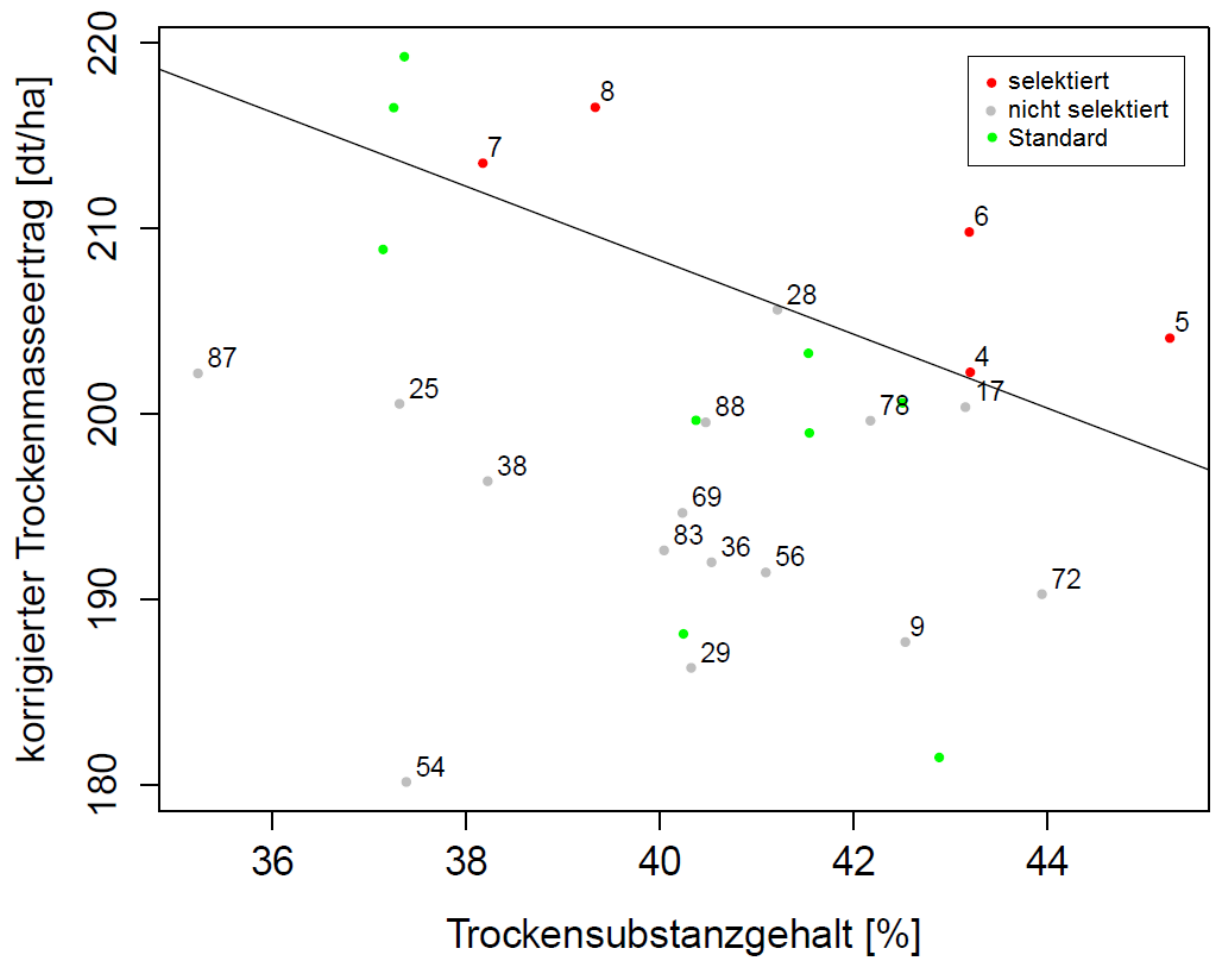


Abbildung 16: Selektionsplot - Denttesthybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, 2013) ([Zahl] = Prüfgliedbezeichnung, Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. Korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert)

3.6. Variation der Experimentalhybriden 2014 und Selektion

3.6.1. Varianzanalysen und Merkmalskorrelationen

Zunächst wurde eine Varianzanalyse der einzelnen Versuchsteile an den einzelnen Standorten durchgeführt (s. Tabelle 51 bis 57). Hier konnte ein signifikanter Effekt des Genotyps auf fast alle Merkmale in allen Versuchsteilen und an allen Standorten bestätigt werden. Bei den Ausnahmen handelt es sich vorwiegend um die Pflanzenanzahl sowie SPAD- und SunScan-Messungen.

Es folgte eine Varianzanalyse für jedes Anbausystem über die Orte hinweg (s. Tabelle 60 bis 62). Dabei zeigte sich ein signifikanter Effekt des Genotyps und des Standorts auf jedes Merkmal außer SPAD1 im RA und die SunScan-Messungen in RA7,5. Wichtige statistische Parameter dieser Verrechnung sind in Tabelle 23 dargestellt.

Die Heritabilitäten sind für einen Großteil der Merkmale über 0,6. Darunter liegen sie nur bei der Pflanzenanzahl, den SunScan-Messungen und vereinzelt bei Kolbenhöhe und den SPAD2 Messungen. Beim Vergleich von MK und RA7,5 zu RA weisen die Merkmale TME, FME, Anzahl, SPAD1, koEr und RekoE signifikante Mittelwertsunterschiede auf. Die Erträge der MK liegen unter denen im RA7,5, allerdings sind diese Unterschiede nicht signifikant. Im RA7,5 wurden im Mittel niedrigere SunScan Werte gemessen als im „normalen“ RA mit 10 Pflanzen/m².

Eine Korrelationsmatrix der Merkmale ist in Tabelle 24 dargestellt. Der TME ist mit folgenden Merkmalen hochsignifikant korreliert: FME (0,9 - 0,93), TSG ((-0,56) – (-0,63)), Anzahl (0,39 - 59; nicht signifikant in RA7,5), Blüte (0,49 - 0,59), Höhe (0,59 - 0,61), koEr (0,95 - 1) und RekoE (0,88 - 0,98). Hier sind besonders die Korrelationen der Erträge zueinander höher als in den Vorjahren. Der FME ist signifikant mit der Pflanzenanzahl (0,37 - 0,55), der Jugendentwicklung (0,42 - 0,52), der Blüte (0,5 - 0,58), der Höhe (0,53 - 0,57), dem koEr (0,83 - 0,93) und dem RekoE (0,65 - 0,84) korreliert. Die Blüte ist mit der Höhe (0,39 - 0,47), dem koEr (0,49 - 0,56) und dem RekoE (0,43 - 0,57) signifikant korreliert. Die Merkmale Höhe und Kolbenhöhe sind sowohl miteinander als auch mit dem koEr und dem RekoE signifikant korreliert.

Der koEr ist hochsignifikant mit dem RekoE korreliert (0,96-0,98). Alle Versuchsteile ähneln sich sehr in ihren Korrelationen. Auffällige Ausnahmen bilden die Kolbenhöhe und SPAD2-Werte in MK.

23: Experimentalhybriden im RA und in MK: Wiederholbarkeit, Grenzdifferenz, Mittelwert aller bonitierten Merkmale (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014)

Versuchsteil	TME ^a [dt/ha]	FME ^b [kg/ Parzelle]	TSG ^c [%]	Anzahl [Pflanzen/ Parzelle]	Jugend- Entwicklung ^d [m]	Blüte ^d [Tage nach Aussaat]	SPAD 1 ^d	SPAD2 ^e	Höhe ⁴ [cm]	SunScan ^d [%]	Kolben- höhe ^e [m]	koEr ^f [dt/ha]	RekoE ^g [dt/ha]
Exp.hybriden^h MKⁱ													
Heritabilität	67,89	83,14	69,87	52,93	79,35	88,27	78,69		92,79		26,34	67,58	59,83
Grenzdifferenz ^j	35,87	11,05	3,60	2,98	0,07	1,22	2,23		12,21		0,34	34,65	34,85
Mittelwert	193,89 ^m	53,71 ^m	33,02 ^m	67,55 ^m	1,34	88,13	58,58 ^m		375,61		2,02	194,50 ^m	194,59 ^m
Exp.hybriden RA^k (7,5 Pflanzen/m²)													
Heritabilität	73,71	87,97	83,7	41,46	85,56	89,4	67,78	63,39	90,86	11,94	91,01	75,58	70,93
Grenzdifferenz ^j	24,52	8,60	2,76	5,74	0,06	1,25	2,95	6,50	13,80	14,05	0,14	22,60	21,64
Mittelwert	204,78 ^{m,n}	58,61 ^{m,n}	31,87 ^m	69,09 ^m	1,31	88,25	59,73 ^m	51,28	373,48	13,25	1,97	203,3 ^{m,n}	203,44 ^{m,n}
Exp.hybriden RA (10 Pflanzen/m²)													
Heritabilität	72,52	87,7	79,19	56,02	80,60	84,85	80,36	44,17	94,38	39,38	88,60	67,23	57,95
Grenzdifferenz ^j	28,22	9,31	3,20	7,99	0,07	1,40	2,48	6,09	10,99	8,27	0,14	27,00	26,57
Mittelwert	214,79 ⁿ	61,17 ⁿ	31,91 ^m	86,46 ⁿ	1,34	88,5	56,92 ⁿ	49,86	374,60	14,81	2,03	219,24 ⁿ	219,15 ⁿ
Grenzdifferenz ^l	16,87	6,02	2,07	3,6	0,04	0,67	1,78	2,93	7,85	7,87	0,08	15,71	15,75

^a TME = Trockenmasseertrag

^b FME = Frischmasseertrag

^c TSG = Trockensubstanzgehalt

^d Bonitur nur in Einbeck und Göttingen

^e Bonitur nur in Einbeck und Göttingen im Reinanbau, Bonitur in Mischkultur nur in Einbeck

^f koEr = korrigierter Ertrag

^g RekoE = reifekorrigierter Ertrag

^h Exp.hybriden = Experimentalhybriden

ⁱ MK = in Mischkultur

^j Grenzdifferenz der Genotypen innerhalb dieses Anbausystems (Tuckey-Test, Signifikanzniveau p = 0,05)

^k RA = im Reinanbau

^l Grenzdifferenz über die Anbausysteme angezeigt durch: ^{m,n} (Tuckey-Test, Signifikanzniveau p = 0,05)

Tabelle 24: Korrelationsmatrix der Experimentalhybriden 2014

	TME ^a	FME ^b	TSG ^c	Anzahl ^d	Jugend ^e	Blüte	SPAD1	SPAD2	Höhe	SunScan	Kolben ^f	koEr ^g
in Mischkultur												
FME	0,93**											
TSG	-0,56**	-0,81**										
Anzahl	0,39**	0,37*	-0,31*									
Jugend	0,43**	0,52**	-0,53**	0,11								
Blüte	0,55**	0,50**	-0,27	0,07	0,03							
SPAD1	0,08	0,18	-0,28	0,16	0,29	-0,03						
SPAD2	-0,14	-0,11	0,04	-0,15	-0,11	-0,16	-0,10					
Höhe	0,59**	0,54**	-0,32*	0,10	0,38**	0,39**	-0,15	-0,07				
Kolben	0,06	0,10	-0,12	0,12	0,06	0,14	0,11	0,14	-0,10			
koEr	1,00**	0,93**	-0,56**	0,31*	0,43**	0,56**	0,07	-0,13	0,6**		0,06	
RekoE ^h	0,98**	0,84**	-0,4**	0,27	0,37*	0,57**	0,01	-0,13	0,6**		0,03	0,98**
im Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²)												
FME	0,90**											
TSG	-0,63**	-0,88**										
Anzahl	0,27	0,37*	-0,32*									
Jugend	0,47**	0,42**	-0,20	-0,05								
Blüte	0,59**	0,58**	-0,42**	0,28	-0,02							
SPAD1	-0,06	-0,13	0,14	-0,21	0,02	-0,11						
SPAD2	0,20	0,41**	-0,58**	0,28	-0,12	-0,12	0,06					
Höhe	0,61**	0,53**	-0,25	0,29	0,47**	0,47**	-0,15	-0,01				
SunScan	-0,21	-0,21	0,18	-0,26	0,04	0,04	0,00	-0,18	-0,22			
Kolben	0,41**	0,25	0,05	0,12	0,47**	0,47**	0,15	-0,17	0,72**	-0,33*		
koEr	0,97**	0,83**	-0,57**	0,03	0,49**	0,49**	-0,01	0,14	0,57**	-0,16	0,40**	
RekoE	0,9**	0,65**	-0,31*	-0,09	0,49**	0,49**	0,05	-0,04	0,56**	-0,13	0,48**	0,96**
im Reinanbau (10 Maispflanzen/m²)												
FME	0,91**											
TSG	-0,60**	-0,84**										
Anzahl	0,59**	0,55**	-0,43**									
Jugend	0,56**	0,48**	-0,22	0,21								
Blüte	0,49**	0,54**	-0,45**	0,23	0,01							
SPAD1	-0,07	-0,14	0,13	-0,07	0,11	-0,22						
SPAD2	0,30*	0,40**	-0,51**	0,37*	-0,04	0,14	0,09					
Höhe	0,60**	0,57**	-0,34*	0,16	0,44**	0,46**	-0,24	0,25				
SunScan	-0,50**	-0,55**	0,4**	-0,37*	-0,28	-0,45**	0,10	-0,07	-0,30*			
Kolben	0,45**	0,37*	-0,17	0,17	0,46**	0,48**	0,07	0,16	0,65**	-0,26		
koEr	0,95**	0,87**	-0,57**	0,31*	0,58**	0,50**	-0,07	0,23	0,66**	-0,44**	0,47**	
RekoE	0,88**	0,71**	-0,32*	0,19	0,58**	0,43**	-0,01	0,09	0,63**	-0,34	0,48**	0,96**

^a TME = Trockenmasseertrag

^b FME = Frischmasseertrag

^c TSG = Trockensubstanzgehalt

^d Anzahl = Anzahl Maispflanzen/Parzelle

^e Jugend = Jugendentwicklung

^f Kolben = Kolbenhöhe

^g koEr = korrigierter Ertrag

^h RekoE = reifekorrigierter Ertrag

Signifikanzniveau: * p = 0,05; ** p = 0,01

Die Ergebnisse der Varianzanalysen zwischen jeweils zwei Anbausystemen sind in Tabelle 25 bis Tabelle 27 dargestellt. Bei Analyse der beiden Anbausysteme MK und RA7,5 zeigen alle Merkmale einen signifikanten Einfluss des Anbausystems, des Standorts, des Genotyps, der Anbausystem x Standort Interaktion, sowie der Genotyp x Standort Interaktion. Lediglich die SPAD1-Messungen zeigen keinen signifikanten Einfluss der Anbausystem x Standort Interaktion, sowie der Genotyp x Standort Interaktion.

Bei der Verrechnung von MK und RA (mit 10 Maispflanzen/m²) zeigen alle Merkmale einen signifikanten Einfluss des Anbausystems, des Standorts, des Genotyps, der Anbausystem x Standort Interaktion, sowie der Genotyp x Standort Interaktion. Die Pflanzenzahl, SPAD1-Messungen und der RekoE zeigen keinen signifikanten Einfluss der Genotyp x Standort Interaktion. Eine Genotyp x Anbausystem Interaktion zeigen lediglich Pflanzenzahl, Höhe und SPAD1.

Die Analyse der beiden Varianten des Reinanbaus ergab einen signifikanten Einfluss des Anbausystems, des Standorts, des Genotyps, der Anbausystem x Standort Interaktion, sowie der Genotyp x Standort Interaktion, ausgenommen der SunScan-Messungen. Eine Genotyp x Anbausystem Interaktion konnte nur für die SPAD2-Messungen ermittelt werden.

Tabelle 25: Varianzanalyse der Experimentalhybriden in Mischkultur und Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²) über die Standorte (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					Blühdatum^e [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A ^f	1	8004,53	57,63**	3,63	A	1	0,69	0,01**	0,12
S ^h	2	94239,18	1044,61**	4,44	S	1	21,78	0,24**	0,12
G ^g	44	2176,27	325,27**	17,20	G	44	6,58	1,6**	0,56
AS	2	2693,20	54,86**	6,28	AS	1	1,42	0,03**	0,17
GS	88	492,54	133,96**	29,78	GS	44	0,59	0,22**	0,8
GA	44	214,77	-3,28	24,32	GA	44	0,19	0,02	0,8
GAS	88	224,63	224,63		GAS	44	0,16	0,16	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	89,68				Heritabilität	97,61			
Frischmasseertrag [dt/ha]					SPAD1^e				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	1625,87	11,93**	0,95	A	1	59,29	0,64**	0,35
S	2	5185,29	57,44**	1,16	S	1	182,43	2,01**	0,35
G	44	494,11	79,81**	4,48	G	44	9,86	2,12**	1,68
AS	2	249,75	5,21**	1,64	AS	1	0,42	-0,02	0,5
GS	88	59,21	21,97**	7,77	GS	44	1,97	0,29	2,38
GA	44	14,50	-0,26	6,34	GA	44	2,53	0,57*	2,38
GAS	88	15,27	15,27		GAS	44	1,39	1,39	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	96,91				Heritabilität	85,87			
Trockensubstanzgehalt [%]					Höhe^e [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	89,06	0,64**	0,37	A	1	203,73	1,99**	1,5
S	2	470,59	5,20**	0,46	S	1	17830,40	197,84**	1,5
G	44	30,74	4,72**	1,78	G	44	995,22	242,58**	7,11
AS	2	6,45	0,09+	0,65	AS	1	265,14	5,34**	2,12
GS	88	5,43	1,52**	3,08	GS	44	58,67	16,88**	10,06
GA	44	3,41	0,34+	2,51	GA	44	27,06	1,08	10,06
GAS	88	2,40	2,40		GAS	44	24,91	24,91	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	92,21				Heritabilität	97,5			
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	159,07	1,13**	0,59	A	1	5227,99	36,96**	3,73
S	2	220,06	2,38**	0,73	S	2	80135,81	887,76**	4,57
G	44	19,77	2,29**	2,81	G	44	1957,73	286,65**	17,69
AS	2	73,90	1,51**	1,03	AS	2	3976,30	83,08**	6,46
GS	88	9,87	1,94*	4,87	GS	88	412,20	87,2**	30,65
GA	44	8,74	0,92+	3,97	GA	44	243,33	1,84	25,02
GAS	88	6,00	6,00		GAS	88	237,81	237,81	
Total	269				Total	269			
Heritabilität	69,66				Heritabilität	87,85			
Jugendentwicklung^e [m]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	0,0497	0,0005**	0,01	A	1	5287,12	37,23**	3,91
S	1	3,8340	0,0426**	0,01	S	2	81639,85	904,21**	4,78
G	44	0,0119	0,0028**	0,04	G	44	1459,71	199,82**	18,53
AS	1	0,0451	0,001**	0,01	AS	2	4065,00	84,54**	6,77
GS	44	0,0016	0,0005**	0,05	GS	88	378,54	58,87*	32,09
GA	44	0,0008	0,0001	0,05	GA	44	301,00	13,40	26,20
GAS	44	0,0006	0,0006		GAS	88	260,80	260,80	
Total	179				Total	269			
Heritabilität	94,76				Heritabilität	82,13			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e Daten zur Verrechnung aus Einbeck u. Göttingen

F-Test: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

^f A = Anbausystem

^g G = Genotyp

^h S = Standort

Tabelle 26: Varianzanalyse der Experimentalhybriden in Mischkultur und Reinanbau (10 Maispflanzen/m²) über die Standorte (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					Blühdatum^e [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A ^f	1	29717,96	216,60**	5,28	A	1	6,30	0,07**	0,13
S ^h	2	116991,96	1294,62**	6,47	S	1	26,57	0,29**	0,13
G ^g	44	1172,62	116,05**	25,04	G	44	6,10	1,48**	0,61
AS	2	7787,25	162,46**	9,14	AS	1	0,50	0,01	0,18
GS	88	697,20	110,43*	43,37	GS	44	0,67	0,24**	0,86
GA	44	585,66	36,44	35,41	GA	44	0,21	0,01	0,86
GAS	88	476,34	476,34		GAS	44	0,18	0,18	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	59,38				Heritabilität	97,01			
Frischmasseertrag [dt/ha]					SPAD1^e				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	3747,91	27,35**	1,81	A	1	123,26	1,35**	0,35
S	2	5635,70	62,00**	2,21	S	1	67,43	0,73**	0,35
G	44	308,42	42,10**	8,57	G	44	11,22	2,47**	1,65
AS	2	356,63	6,68**	3,13	AS	1	35,35	0,76**	0,49
GS	88	102,83	23,49**	14,85	GS	44	1,39	0,02	2,34
GA	44	66,41	3,52	12,13	GA	44	2,24	0,45*	2,34
GAS	88	55,85	55,85		GAS	44	1,35	1,35	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	81,89				Heritabilität	88,01			
Trockensubstanzgehalt [%]					Höhe^e [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	79,60	0,55**	0,54	A	1	46,11	0,27	1,41
S	2	611,30	6,74**	0,66	S	1	24514,94	272,14**	1,41
G	44	21,82	2,81**	2,56	G	44	1005,16	245,80**	6,68
AS	2	17,96	0,29*	0,93	AS	1	45,68	0,53	1,99
GS	88	8,33	1,68**	4,43	GS	44	44,49	11,27*	9,44
GA	44	5,87	0,30	3,62	GA	44	32,93	5,49+	9,44
GAS	88	4,96	4,96		GAS	44	21,95	21,95	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	77,25				Heritabilität	97,82			
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	23682,31	175,32**	0,89	A	1	39341,44	287,94**	5,24
S	2	376,94	4,04**	1,09	S	2	102580,13	1134,57**	6,42
G	44	24,58	1,84**	4,22	G	44	1074,93	100,99**	24,85
AS	2	215,55	4,49**	1,54	AS	2	10244,99	217,24**	9,07
GS	88	13,11	-0,21	7,31	GS	88	644,42	87,72+	43,04
GA	44	33,87	6,78**	5,97	GA	44	503,39	11,47	35,14
GAS	88	13,53	13,53		GAS	88	468,98	468,98	
Total	269				Total	269			
Heritabilität	44,95				Heritabilität	56,37			
Jugendentwicklung^e [m]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	0,0003	0,0000	0,01	A	1	38568,39	282,30**	5,17
S	1	4,4086	0,049**	0,01	S	2	103933,26	1149,73**	6,34
G	44	0,0113	0,003**	0,04	G	44	737,51	46,67**	24,54
AS	1	0,0050	0,0001*	0,01	AS	2	10386,65	220,64**	8,96
GS	44	0,0017	0,0005**	0,05	GS	88	591,46	66,99	42,51
GA	44	0,0009	0,0001	0,05	GA	44	513,82	18,78	34,71
GAS	44	0,0007	0,0007		GAS	88	457,47	457,47	
Total	179				Total	269			
Heritabilität	93,61				Heritabilität	37,97			

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e Daten zur Verrechnung aus Einbeck u. Göttingen

F-Test: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

^f A = Anbausystem

^g G = Genotyp

^h S = Standort

Tabelle 27: Varianzanalyse der Experimentalhybriden in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²) und Reinanbau (10 Maispflanzen/m²) über die Standorte (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]					SPAD2^e				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A ^f	1	7407,26	53,77**	2,95	A	1	91,02	0,96**	0,64
S ^g	2	120823,56	1340,83**	3,61	S	1	648,58	7,15**	0,64
G ^h	44	1754,01	267,58**	13,98	G	44	34,65	7,53**	3,03
AS	2	2075,02	42,81**	5,11	AS	1	46,23	0,93**	0,90
GS	88	360,38	105,93**	24,22	GS	44	14,98	5,23**	4,29
GA	44	140,10	-2,80	19,77	GA	44	10,06	2,76**	4,29
GAS	88	148,52	148,52		GAS	44	4,52	4,52	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	91,53				Heritabilität	86,95			
Frischmasseertrag [dt/ha]					Höhe^e [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	501,73	3,65**	0,74	A	1	56,00	0,29	1,65
S	2	4539,17	50,33**	0,90	S	1	19681,12	218,35**	1,65
G	44	483,00	78,95**	3,50	G	44	1004,53	243,62**	7,81
AS	2	44,55	0,78*	1,28	AS	1	530,93	11,13**	2,33
GS	88	50,79	20,76**	6,05	GS	44	46,60	8,27+	11,05
GA	44	9,45	0,06	4,94	GA	44	37,71	3,83	11,05
GAS	88	9,28	9,28		GAS	44	30,05	30,05	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	98,08				Heritabilität	97,01			
Trockensubstanzgehalt [%]					SunScan^e [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	0,01	-0,02	0,37	A	1	109,40	0,87+	1,67
S	2	610,17	6,75**	0,46	S	1	317,26	3,18**	1,67
G	44	32,90	5,08**	1,78	G	44	45,96	3,76+	7,92
AS	2	12,95	0,23**	0,65	AS	1	45,67	0,33	2,36
GS	88	5,06	1,33**	3,08	GS	44	34,59	1,85	11,20
GA	44	2,48	0,03	2,52	GA	44	37,08	3,09	11,20
GAS	88	2,40	2,40		GAS	44	30,90	30,90	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	92,70				Heritabilität	32,77			
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]					Kolbenhöhe [m]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	21110,10	156,27**	0,88	A	1	0,1674	0,002**	0,02
S	2	662,36	7,21**	1,07	S	1	0,8067	0,009**	0,02
G	44	44,10	5,16**	4,16	G	44	0,0879	0,02**	0,08
AS	2	20,91	0,17	1,52	AS	1	0,0057	0,0000	0,03
GS	88	17,37	2,12+	7,2	GS	44	0,0057	0,001+	0,12
GA	44	12,61	-0,17	5,88	GA	44	0,0031	-0,0002	0,12
GAS	88	13,13	13,13		GAS	44	0,0035	0,0035	
Total	269				Total	179			
Heritabilität	70,23				Heritabilität	96,04			
Jugendentwicklung^e [m]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	0,0576	0,0006**	0,01	A	1	17057,20	125,39**	2,75
S	1	3,5617	0,04**	0,01	S	2	106681,21	1183,91**	3,37
G	44	0,0114	0,003**	0,03	G	44	1532,75	233,94**	13,04
AS	1	0,0201	0,0004**	0,01	AS	2	2595,62	54,81**	4,76
GS	44	0,0016	0,0006**	0,04	GS	88	322,73	96,80**	22,58
GA	44	0,0005	0,0000	0,04	GA	44	147,90	6,26	18,44
GAS	44	0,0004	0,0004		GAS	88	129,13	129,13	
Total	179				Total	269			
Heritabilität	96,16				Heritabilität	91,58			

Fortsetzung von Tabelle 27:

Blühdatum ^c [Tage nach Aussaat]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	2,82	0,03**	0,12
S	1	15,71	0,17**	0,12
G	44	6,58	1,60**	0,59
AS	1	0,24	0,00	0,17
GS	44	0,69	0,26**	0,83
GA	44	0,21	0,02	0,83
GAS	44	0,17	0,17	
Total	179			
Heritabilität	97,43			

SPAD1 ^e				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	353,53	3,91**	0,36
S	1	57,17	0,62**	0,36
G	44	12,37	2,74**	1,71
AS	1	28,04	0,59**	0,51
GS	44	2,23	0,40+	2,41
GA	44	2,00	0,29	2,41
GAS	44	1,43	1,43	
Total	179			
Heritabilität	88,42			

Reifekorrektierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
A	1	16451,93	120,78**	2,92
S	2	108013,62	1198,53**	3,58
G	44	1094,91	158,15**	13,86
AS	2	2568,09	53,82**	5,06
GS	88	285,28	69,64**	24,01
GA	44	193,37	15,79	19,61
GAS	88	146,00	146,00	
Total	269			
Heritabilität	86,67			

^a FG = Freiheitsgrade
^b MQ = Varianz
^c Var.Komp. = Varianzkomponente
^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05
^e Daten zur Verrechnung aus Einbeck u. Göttingen
^f A = Anbausystem
^g S = Standort
^h G = Genotyp
F-Test: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

3.6.2. Bewertung der Experimentalhybriden

Die Bewertung der Experimentalhybriden erfolgt nach dem Muster der Selektion mit einem Punktediagramm aus TSG, koEr und einer Selektionslinie (s. 2.6, Abbildung 18 bis 20). Es ist nicht zu beobachten, dass Hybriden in dem Anbausystem bessere Leistungen erbringen, in dem ihre Elternlinien selektiert wurden. Die Experimentalhybriden, deren Elternlinien in MK selektiert wurden, zeigen dabei deutliche Mehrerträge sowohl in MK und RA gegenüber der Gruppe, deren Eltern im RA selektiert wurden. Zudem ist eine Gruppierung von Hybriden zu erkennen, die einen deutlich höheren koEr und niedrigeren TSG haben. Alle diese Hybriden stammen aus der Selektion in MK und haben die Dentlinien 7 oder 8 als Mutter. Eine klare Gruppierung auf Seiten der Flintlinien ist nicht zu erkennen. In allen Anbausystemen sind die Standards im unteren Bereich des Diagramms zu finden.

Zum Zeitpunkt der Ernte waren viele Parzellen in der MK zusammengebrochen. Ein Prüfglied, welches an allen Standorten und in allen Wiederholungen nicht zusammengebracht, ist (s. Abbildung 17) ist das Prüfglied 8.9. Dieser Genotyp wurde bereits von der KWS SAAT AG zur Sortenzulassung beim Bundessortenamt angemeldet.



Abbildung 17: Prüfglied 8.9 (links) mit hoher Standfestigkeit an allen Standorten (Göttingen, 2014)

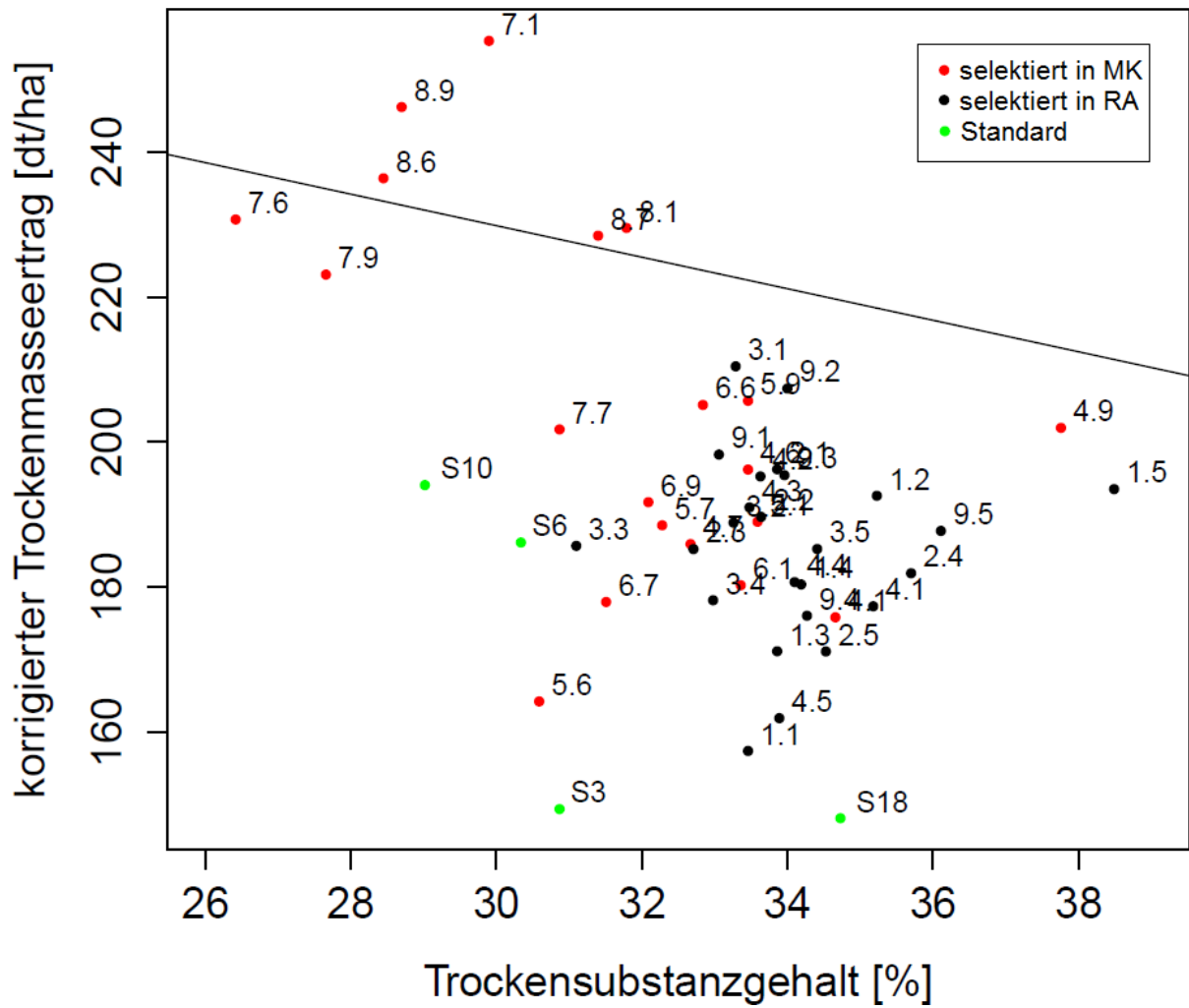


Abbildung 18: Selektionsplot - Experimentalhybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014) (MK = Mischkultur, RA = Reinanbau, [Zahl] = Prüfglied (Elterndentlinie.Elternflintlinie), Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).

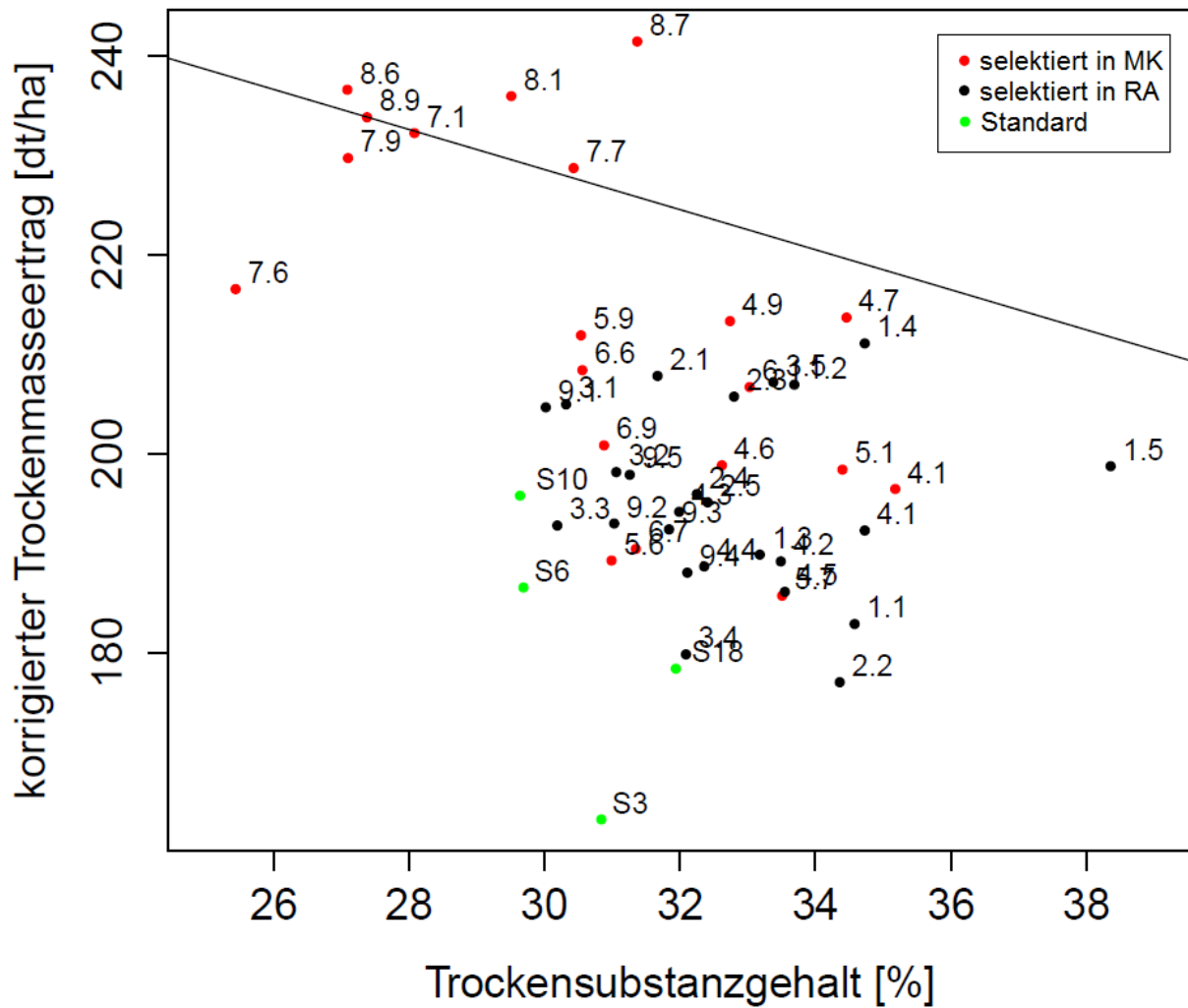


Abbildung 19: Selektionsplot - Experimentalhybriden in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²) (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014) (MK = Mischkultur, RA = Reinanbau, [Zahl] = Prüfglied (Elterndentlinie.Elternflintlinie), Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).

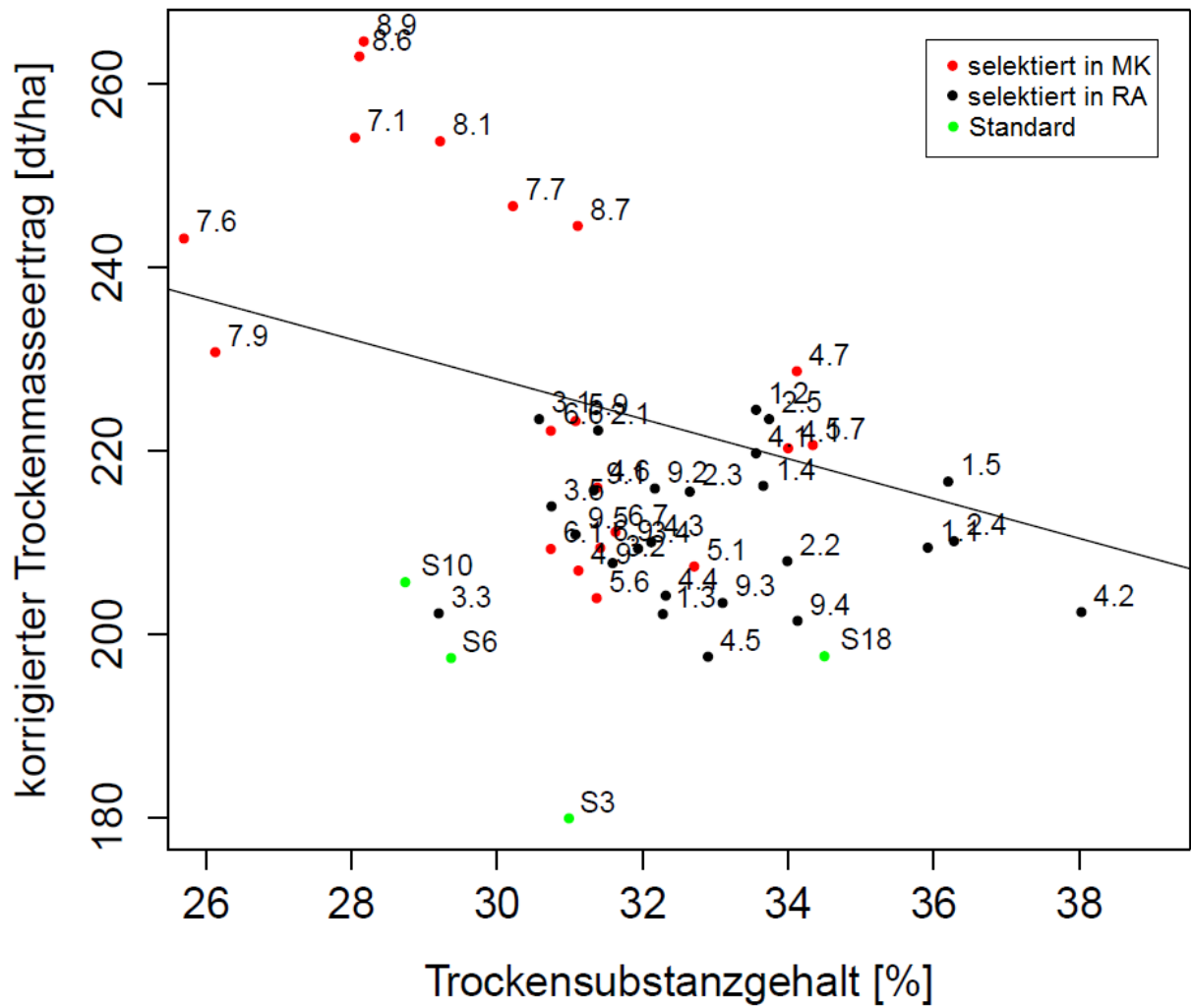


Abbildung 20: Selektionsplot - Experimentalhybriden in Reinanbau (10 Maispflanzen/m²) (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014) (MK = Mischkultur, RA = Reinanbau, [Zahl] = Prüfglied (Elterndentlinie.Elternflintlinie), Selektionslinie = 1 % Trockensubstanzgehalt abs./1 % rel. korrigierter Trockenmasseertrag Mittelwert).

3.7. Allgemeine (GCA) und spezifische (SCA) Kombinationseignung

Die faktorielle Kreuzung der selektierten Linien aus 2013 ermöglicht es für die Experimentalhybriden in 2014 die GCA und SCA für den RekoE zu berechnen.

Bei den Experimentalhybriden, deren Eltern im RA selektiert wurden, ist nur der Standort als Varianzursache signifikant. Weder die GCA noch die SCA haben hier einen signifikanten Einfluss auf den RekoE (s. Tabelle 28).

Bei den Experimentalhybriden, deren Eltern in MK selektiert wurden, ist in allen Anbausystemen die GCA der Dentlinien als Varianzursache signifikant. In den Anbauvarianten mit reduzierter Maispflanzendichte ist die SCA signifikant. Im RA7,5 stellt die GCA der Flintlinien eine weitere signifikante Varianzursache dar (s. Tabelle 28).

Die absoluten GCA- und SCA-Werte sind in Tabelle 29 dargestellt. Die Dentlinien 7 und 8, welche in der MK selektiert wurden, haben in allen Anbauvarianten, vor allem aber in der Anbauvariante MK eine sehr hohe GCA.

Tabelle 28: Varianzanalyse GCA und SCA der Experimentalhybriden (Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014)

Experimentalhybriden (Mutterlinien in Reinanbau selektiert)					Experimentalhybriden (Mutterlinien in Mischbau selektiert)				
RekoE in Mischbau					RekoE in Mischbau				
Ursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	GD ^d	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S ^e	2	18293,36	717,78**	10,76	S	2	28115,86	1387,39**	12,52
F ^f	4	532,20	12,22	13,89	F	3	644,03	18,40	14,46
D ^g	4	406,99	3,87	13,89	D	4	4927,71	379,98**	16,16
DF	16	551,22	67,42	31,07	DF	12	732,93	121,64+	32,33
FS	8	645,88	59,38	24,07	FS	6	757,53	77,91+	25,04
DS	8	477,84	25,78	24,07	DS	8	561,27	48,32	28,00
DFS	32	348,96	67,90	47,02	DFS	24	368,00	86,93	47,02
Restfehler	103	281,06	281,06		Restfehler	103	281,06	281,06	
RekoE in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²)					RekoE in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²)				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	20292,25	803,87**	8,06	S	2	20457,75	1018,69**	5,98
F	4	169,49	-1,73	10,40	F	3	284,96	13,40*	6,91
D	4	290,91	6,36	10,40	D	4	2246,00	180,17**	7,72
DF	16	318,31	40,94	23,25	DF	12	245,95	53,98*	15,45
FS	8	257,39	12,38	18,01	FS	6	56,20	-5,56	11,96
DS	8	148,32	-9,44	18,01	DS	8	434,31	87,58**	13,38
DFS	32	195,50	68,93+	31,54	DFS	24	84,01	-42,56	31,54
Restfehler	107	126,57	126,57		Restfehler	107	126,57	126,57	
RekoE in Reinanbau (10 Maispflanzen/m²)					RekoE in Reinanbau (10 Maispflanzen/m²)				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	35625,74	1416,02**	8,65	S	2	34554,31	1716,67**	9,70
F	4	324,05	6,59	11,16	F	3	228,68	0,52	11,20
D	4	439,63	14,30	11,16	D	4	3162,13	245,11**	12,52
DF	16	151,78	-24,47	24,96	DF	12	307,66	28,94	25,04
FS	8	173,97	-10,25	19,33	FS	6	125,91	-18,99	19,40
DS	8	174,94	-10,05	19,33	DS	8	887,94	166,77**	21,69
DFS	32	225,20	52,96	36,76	DFS	24	220,85	48,61	36,76
Restfehler	117	172,24	172,24		Restfehler	117	172,24	172,24	

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

^d GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^e S = Standort

^f F = Allgemeine Kombinationseignung Flint

^g D = Allgemeine Kombinationseignung Dent

F-Test: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 29: GCA und SCA der Experimentalhybriden für den reifekorrigierten Ertrag [dt/ha](Einbeck, Göttingen, Eutingen 2014)

In Mischkultur angebaut, Elternlinien in Mischkultur selektiert						In Mischkultur angebaut, Elternlinien im Reinanbau selektiert						
	Flint1	Flint6	Flint7	Flint9	GCA		Flint1	Flint2	Flint3	Flint4	Flint5	GCA Dent
Dent4	16,30	-5,66	-1,19	-9,44	-10,00	Dent1	26,41	-5,01	8,20	-5,52	-24,08	-4,71
Dent5	-2,08	24,55	-10,30	-12,17	-17,26	Dent2	-9,19	4,95	0,33	-5,98	9,90	-0,73
Dent6	8,94	-18,81	3,60	6,27	-15,42	Dent3	-19,52	9,26	5,76	5,73	-1,23	2,04
Dent7	-27,68	-0,28	12,78	15,18	16,31	Dent4	3,49	-4,26	-10,54	-5,35	16,67	-4,38
Dent8	4,51	0,21	-4,88	0,16	26,37	Dent9	-1,18	-4,93	-3,75	11,13	-1,26	7,78
GCA Flint	2,19	-1,71	-9,02	8,54		GCA Flint	1,77	8,92	-1,91	-5,82	-2,96	
In Reinanbau (7,5 Pflanzen) angebaut, Elternlinien in Mischkultur						In Reinanbau (7,5 Pflanzen) angebaut, Elternlinien im Reinanbau selektiert						
	Flint1	Flint6	Flint7	Flint9	GCA		Flint1	Flint2	Flint3	Flint4	Flint5	GCA Dent
Dent4	9,22	2,47	-8,21	-3,48	-2,17	Dent1	18,16	-9,68	10,10	-14,86	-3,72	7,33
Dent5	-3,31	3,42	9,55	-9,66	-14,03	Dent2	-7,92	16,25	-11,95	-1,89	5,50	0,34
Dent6	-5,27	-11,49	12,75	4,01	-10,62	Dent3	-3,65	-3,61	4,96	12,90	-10,60	-0,94
Dent7	-3,26	8,30	-5,75	0,71	7,30	Dent4	-2,41	-2,52	-3,05	0,77	7,21	-3,75
Dent8	2,62	-2,69	-8,34	8,41	19,52	Dent9	-4,19	-0,44	-0,06	3,07	1,61	-2,98
GCA Flint	3,07	-6,43	1,12	2,24		GCA Flint	2,64	-3,06	-1,52	-2,55	4,49	
In Reinanbau (10 Pflanzen) angebaut, Elternlinien in Mischkultur						In Reinanbau (10 Pflanzen) angebaut, Elternlinien im Reinanbau selektiert						
	Flint1	Flint6	Flint7	Flint9	GCA		Flint1	Flint2	Flint3	Flint4	Flint5	GCA Dent
Dent4	-4,43	3,02	-8,83	10,24	-6,49	Dent1	6,62	-6,85	8,87	-2,65	-5,99	5,26
Dent5	6,49	10,31	-6,03	-10,77	-11,28	Dent2	4,21	9,27	-4,76	-1,78	-6,93	5,79
Dent6	5,37	-10,07	5,85	-1,15	-14,77	Dent3	-5,86	4,08	5,42	-2,12	-1,51	-4,81
Dent7	-10,81	2,74	-3,78	11,85	8,10	Dent4	-6,72	-2,67	-6,80	4,08	12,11	-2,91
Dent8	3,38	-6,01	12,79	-10,17	24,44	Dent9	1,76	-3,83	-2,72	2,48	2,32	-3,33
GCA ^a Flint	0,81	-1,75	5,07	-4,13		GCA Flint	5,75	2,18	-7,17	-1,69	0,94	

^a GCA = Allgemeine Kombinationseignung

3.8. RekoE als Selektionsmerkmal

Wie bereits in 2.5.4 erläutert, spiegelt der RekoE den Einfluss von koEr und TSG auf die Selektion in der praktischen Züchtung wieder. In der folgenden Tabelle 30 ist dargestellt, welche Genotypen unter verschiedenen Selektionsmethoden selektiert wurden. Die Selektion per Selektionsplot (s. 2.6) aus koEr und TSG führt zu exakt den gleichen Genotypen wie die Selektion der Genotypen mit dem höchsten RekoE. Die Selektion der Genotypen mit dem höchsten koEr führt zu fast denselben Genotypen. Die Korrelationen von RekoE und koEr sind in Tabelle 31 dargestellt.

Tabelle 30: Selektion der besten 20 Genotypen anhand verschiedener Methoden (2012, Standort: Einbeck)

Selektionsmethode	Flinttesthybriden im Reinanbau																							
koEr ^a /TSG ^b Grafik	1	2	3	4	5		7	8	11		18	25	28	47	52	53	66	78	80	87	89	S ^d 9		
RekoE ^c	1	2	3	4	5		7	8	11		18	25	28	47	52	53	66	78	80	87	89	S9		
koEr	1	2	3	4		6	7	8	11	12	18	25	28	47	52	53	66		80	87	89	S9		
Selektionsmethode	Flinttesthybriden in Mischkultur																							
koEr/TSG Grafik	1	3	4	6	7	8	9	16	18	23	47	52	57	63	64	66	70	72		80	89			
RekoE	1	3	4	6	7	8	9	16	18	23	47	52	57	63	64	66	70	72		80	89			
koEr	1	3	4	6	7		9	16	18	23	47	52	57	63	64	66	70	72	74	80	89			
Selektionsmethode	Denttesthybriden im Reinanbau																							
koEr/TSG Grafik	1	2	3	4	7	8	9	25		28	36	56	65	68	69		81	83		86	87	S5	S7	
RekoE	1	2	3	4	7	8	9	25		28	36	56	65	68	69		81	83		86	87	S5	S7	
koEr	1	2	7			8	9	25	26	28	36	56		68	69	80	81	83	84	86	87		S7	S8
Selektionsmethode	Denttesthybriden in Mischkultur																							
koEr/TSG Grafik	4	5	7	8	9	25	26	28	29	36	38	54	56	68	69	72	83		87		S7	S8		
RekoE	4	5	7	8	9	25	26	28	29	36	38	54	56	68	69	72	83		87		S7	S8		
koEr			7	8	9	25	26	28	29	36	38	54	56	68	69	72	83	86	87	88	S7	S8		

^a koEr= korrigierter Ertrag

^b TSG = Trockensubstanzgehalt

^c RekoE = Reifekorrigierter Ertrag

^d S = Standard

Tabelle 31: Korrelation koEr und RekoE (2012, Standort: Einbeck)

Versuchsteil 2012	Korrelation koEr ^a und RekoE ^b
Flinttesthybriden im Reinanbau	0,98**
Flinttesthybriden in Mischkultur	0,99**
Denttesthybriden im Reinanbau	0,91**
Denttesthybriden in Mischkultur	0,98**

^a koEr= korrigierter Ertrag

^b RekoE = Reifekorrigierter Ertrag

3.9. Erwarteter Selektionserfolg - Indirekte versus direkte Selektion

In der praktischen Pflanzenzüchtung ist der Selektionserfolg das Maß aller Dinge. Seine Berechnung ist in 2.7 erläutert.

Selektionserfolge 2012

Die Heritabilitäten und genetischen Varianzen des RekoE und des koEr der Flinttesthybriden sind in Tabelle 32 dargestellt. Die Heritabilität des RekoE ist ebenso wie bei den Denttesthybriden (s. Tabelle 34) niedriger als die des koEr. Die genetische Korrelation von RekoE und koEr im gleichen Anbausystem liegt bei 0,99. Betrachtet man nur den RekoE sind RA und MK mit 0,83 korreliert.

Tabelle 32: Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen der Flinttesthybriden 2012

Heritabilitäten			
Merkmal	Heritabilität	σ^2 genetisch [(dt/ha)²]	
RekoE ^a in MK ^b	69,51	225,99	
RekoE in RA ^c	71,00	203,39	
koEr ^d in MK	79,37	196,89	
koEr in RA	80,56	207,54	
Phänotypische Korrelationen			
Merkmal	RekoE in MK	RekoE in RA7,5	RekoE in RA
RekoE in RA	0,57**		
koEr in MK	0,95**	0,67**	
koEr in RA	0,65**	0,95**	0,74**
Genetische Korrelationen			
Merkmal	RekoE in MK	RekoE in RA	koEr in MK
RekoE in RA	0,83++		
koEr in MK	0,99++	0,84++	
koEr in RA	0,83++	0,98++	0,88++

^a RekoE = reifekorrigierter Ertrag

^b MK = Mischkultur

^c RA = Reinanbau

^d koEr = korrigierter Ertrag

F-Test: ** p = 0,01; ++ = genetische Korrelation ist größer oder gleich des doppelten Standardfehlers der Korrelation

Da es sehr aufwendig ist, jeden Genotyp auf eine Eignung für die MK zu prüfen, wurde getestet, wie sich eine indirekte Selektion auf den Selektionserfolg auswirkt. Dabei wurde die Leistung in der MK als direktes Selektionsmerkmal und die Leistung im RA als indirektes Selektionsmerkmal betrachtet (s. Tabelle 33). Dafür wurde eine Berechnung anhand der Daten aus Tabelle 32 vorgenommen. Da die genetische Korrelation von direktem mit indirektem

Selektionsmerkmal 0,83 ist, und die Heritabilitäten sehr ähnlich sind, führt eine direkte Selektion zu einem höheren Selektionserfolg (21,96 dt/ha versus 18,44 dt/ha).

Für die Praxis ist allerdings davon auszugehen, dass eine Prüfung aller Genotypen im RA auf jeden Fall durchgeführt wird. Somit erfordert eine direkte Selektion der Genotypen in MK die doppelten Menge an benötigten Parzellen. Bezieht man dies für die Berechnung des Selektionserfolges mit ein, wird der erwartete Selektionserfolg in beiden Selektionsmethoden fast gleich groß (21,96 dt/ha versus 21,59 dt/ha), da für die indirekte Selektion nun doppelt so viele Parzellen zur Verfügung stehen und somit doppelt so scharf selektiert werden kann.

Ein Zahlenbeispiel: Bei einer gegebenen Menge an Parzellen und einer Prüfung von 100 Genotypen im RA stehen hier zwei Methoden zur Verfügung, um 10 Genotypen für die MK zu selektieren. Es können alle 100 Genotypen in MK angebaut werden und die besten 10 direkt selektiert werden oder es können zusätzlich zu den bisherigen 100 noch 100 weitere Genotypen im RA getestet werden. In beiden Fällen wäre der Parzellenverbrauch identisch (100 für RA + 100 für MK = 200 für RA), die Selektionsintensitäten wären jedoch unterschiedlich (1,76 versus 2,06).

Tabelle 33: Vergleich direkter und indirekter Selektion der Flinttesthybriden 2012

Selektionsmethode	R^a [dt/ha]	i^b	h^c	σ genetisch^d [dt/ha]	Genetische Korrel.^e	Parzellenverbrauch [Parzellen je Prüfglied]
direkt _{s10%}	21,96	1,76	0,83	15,03	1	1 für RA + 1 für MK
indirekt _{s10%}	18,44	1,76	0,84	15,03	0,83	1 für RA
indirekt _{s5%}	21,59	2,06	0,84	15,03	0,83	2 für RA

^a R = Selektionserfolg

^b i = Selektionsintensität

^c h = Wurzel aus der Heritabilität

^d σ genetisch = genetische Standardabweichung des Zielmerkmals

^e genetische Korrel. = genetische Korrelation zwischen Ziel- und Hilfsmerkmal

Für die Denttesthybriden sind die Heritabilitäten und genetischen Varianzen des RekoE und koEr in Tabelle 34 dargestellt. Die genetische Korrelation von RekoE und koEr im gleichen Anbausystem liegt bei 0,98. Betrachtet man nur den RekoE sind RA und MK mit 0,76 korreliert.

Tabelle 34: Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen der Denttesthybriden 2012

Heritabilitäten			
Merkmal	Heritabilität	σ^2 genetisch [(dt/ha)²]	
RekoE ^a in MK ^b	80,10	177,85	
RekoE in RA ^c	72,43	132,82	
koEr ^d in MK	87,61	233,85	
koEr in RA	80,58	193,77	
Phänotypische Korrelationen			
Merkmal	RekoE in MK	RekoE in RA7,5	RekoE in RA
RekoE in RA	0,61**		
koEr in MK	0,97**	0,58**	
koEr in RA	0,75**	0,89**	0,79**
Genetische Korrelationen			
Merkmal	RekoE in MK	RekoE in RA	koEr in MK
RekoE in RA	0,76++		
koEr in MK	0,98++	0,69++	
koEr in RA	0,89++	0,87++	0,98++

^a RekoE = reifekorrigierter Ertrag

^b MK = Mischkultur

^c RA = Reinanbau

^d koEr = korrigierter Ertrag

F-Test: ** p = 0,01; ++ = genetische Korrelation ist größer oder gleich des doppelten Standardfehlers der Korrelation

Da die genetische Korrelation von direktem und indirektem Selektionsmerkmal 0,76 ist und die Heritabilität im RA deutlich geringer ist, führt eine direkte Selektion zu einem deutlich höheren Selektionserfolg (20,90 dt/ha versus 15,17 dt/ha) (s. Tabelle 35).

Bezieht man die Tatsache mit ein, dass bei einer indirekten Selektion weniger Parzellen benötigt werden, wird der erwartete Selektionserfolg der indirekten Selektion größer (17,75 dt/ha), jedoch bleibt der erwartete Selektionserfolg der direkten Selektion höher.

Tabelle 35: Vergleich direkter und indirekter Selektion der Denttesthybriden 2012

Selektionsmethode	R^a [dt/ha]	i^b	h^c	σ genetisch^d [dt/ha]	Genetische Korrel.^e	Parzellenverbrauch [Parzellen je Prüfglied]
direkt _{s10%}	20,90	1,76	0,89	13,34	1	1 für RA + 1 für MK
indirekt _{s10%}	15,17	1,76	0,85	13,34	0,76	1 für RA
indirekt _{s5%}	17,75	2,06	0,85	13,34	0,76	2 für RA

^a R = Selektionserfolg

^b i = Selektionsintensität

^c h = Wurzel aus der Heritabilität

^d σ genetisch = genetische Standardabweichung des Zielmerkmals

^e genetische Korrel. = genetische Korrelation zwischen Ziel- und Hilfsmerkmal

Selektionserfolge 2014

Die Heritabilitäten und genetischen Varianzen des RekoE und koEr sind in Tabelle 36 dargestellt. Innerhalb eines Anbausystems sind RekoE und koEr mit mindestens 0,95 korreliert. Die genetische Korrelation des RekoE der Experimentalhybriden zwischen RA und MK ist 1.

Tabelle 36: Heritabilitäten, phänotypische und genetische Korrelationen der Experimentalhybriden 2014

Heritabilitäten					
Merkmal	Heritabilität	σ^2 genetisch [(dt/ha)²]			
RekoE ^a in MK ^b	59,83	229,11			
RekoE in RA7,5 ^c	70,93	144,69			
RekoE in RA ^d	57,85	93,83			
koEr ^e in MK	67,58	316,86			
koEr in RA7,5	75,58	200,15			
koEr in RA	67,23	189,35			
Phänotypische Korrelationen					
Merkmal	RekoE in MK	RekoE in RA7,5	RekoE in RA	koEr in MK	koEr in RA7,5
RekoE in RA7,5	0,69**				
RekoE in RA	0,69**	0,74**			
koEr in MK	0,98**	0,69**	0,69**		
koEr in RA7,5	0,78**	0,96**	0,75**	0,81**	
koEr in RA	0,78**	0,79**	0,95**	0,82**	0,86**
Genetische Korrelationen					
Merkmal	RekoE in MK	RekoE in RA7,5	RekoE in RA	koEr in MK	koEr in RA7,5
RekoE in RA7,5	0,95++				
RekoE in RA	1,00++	0,93++			
koEr in MK	0,99++	0,89++	0,93++		
koEr in RA7,5	1,05++	0,96++	0,93++	1,02++	
koEr in RA	1,06++	0,94++	0,95++	1,04++	1,00++

^a RekoE = reifekorrigierter Ertrag

^b MK = Mischkultur

^c RA7,5 = Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m²)

^d RA = Reinanbau (10 Maispflanzen/m²)

^e koEr = korrigierter Ertrag

F-Test: ** p = 0,01; ++ = genetische Korrelation ist größer oder gleich des doppelten Standardfehlers der Korrelation

Da die genetische Korrelation von direktem und indirektem Selektionsmerkmal bei 1,00 liegt, führt eine indirekte Selektion zu einem sehr ähnlichen Selektionserfolg wie eine direkte Selektion (20,50 dt/ha versus 20,04 dt/ha) (s. Tabelle 37).

Bezieht man die Tatsache mit ein, dass bei einer indirekten Selektion weniger Parzellen benötigt werden, wird der erwartete indirekte Selektionserfolg noch größer (23,45 dt/ha), da nun doppelt so viele Parzellen zur Verfügung stehen und somit doppelt so scharf selektiert werden kann. Da der Schätzfehler der genetischen Korrelation hoch ist ist die Korrelation zwischen direkter und indirekter Selektion mit 1 allerdings sehr wahrscheinlich überschätzt.

In einer Beispielrechnung soll gezeigt werden, wie hoch die Korrelation von direktem und indirektem Merkmal sein muss, damit die direkte Selektion zu einem höheren Selektionserfolg führt als eine indirekte (s. Tabelle 37). Dafür wurden die genetische Standardabweichung des Zielmerkmals (15,13 dt/ha), die Heritabilität des Zielmerkmals (0,60) und die Heritabilität des Hilfsmerkmals (0,58) aus den Verrechnungen für 2014 verwendet (s. Tabelle 36 und 37). Wie bereits für 2012 beschrieben ist davon auszugehen, dass in praktischen Zuchtprogrammen eine Prüfung von Genotypen im RA auf jeden Fall stattfindet und folglich mit einer höheren Intensität (2,06 versus 1,76) in der indirekten Selektion selektiert werden kann. Die Verrechnungen zeigen, dass bei einer genetischen Korrelation von Ziel- und Hilfsmerkmal von $< 0,85$ die direkte Selektion zu höheren Selektionserfolgen führt als die indirekte Selektion.

Tabelle 37: Vergleich direkter und indirekter Selektion

Selektionsmethode	R^a	i^b	h^c	σ genetisch^d [dt/ha]	Genetische Korrel.^e	Parzellenverbrauch [Parzellen je Prüfglied]
direkt s _{10%}	20,50	1,76	0,77	15,13	1	1 für RA + 1 für MK
indirekt s _{10%}	20,04	1,76	0,76	15,13	0,99	1 für RA
indirekt s _{5%}	23,45	2,06	0,76	15,13	0,99	2 für RA
Beispielrechnungen:						
direkt s _{10%}	20,50	1,76	0,77	15,13	1	1 für RA + 1 für MK
indirekt s _{5%}	22,50	2,06	0,76	15,13	0,95	2 für RA
indirekt s _{5%}	21,32	2,06	0,76	15,13	0,9	2 für RA
indirekt s _{5%}	20,13	2,06	0,76	15,13	0,85	2 für RA
indirekt s _{5%}	18,95	2,06	0,76	15,13	0,8	2 für RA
indirekt s _{5%}	17,77	2,06	0,76	15,13	0,75	2 für RA
indirekt s _{5%}	16,58	2,06	0,76	15,13	0,7	2 für RA
indirekt s _{5%}	15,40	2,06	0,76	15,13	0,65	2 für RA

^a R = Selektionserfolg

^b i = Selektionsintensität

^c h = $\sqrt{\text{aus der Heritabilität}}$

^d σ genetisch = genetische Standardabweichung des Zielmerkmals

^e genetische Korrel. = genetische Korrelation zwischen Ziel- und Hilfsmerkmal

4. Diskussion

4.1. Praktische Erfahrungen mit der Mischkultur

Pflanzendichte und Reihenabstand

Einige ackerbauliche Fragen wurden bereits von Pekrun *et al.*, (2012, 2014) untersucht. Als Anbauempfehlung wird von Pekrun *et al.* (2014) die Untergrenze von 7 Maispflanzen/m² angegeben. In der vorliegenden Arbeit wurden in der MK immer 7,5 Maispflanzen/m² angestrebt. Erreichten Pekrun *et al.* (2012, 2014) maximal 96 Prozent des Ertrages des RA, konnten Dawo *et al.* (2009) mit 7,5 Maispflanzen/m² in MK 104 % gegenüber des RA mit 10 Pflanzen/m² erzielen.

Eine verminderte Pflanzendichte des Maises ist für die MK unumgänglich, da ein Maisbestand mit 10 Pflanzen/m² die Bohnen in ihrer Leistung sehr stark unterdrückt (Dawo *et al.*, 2009). Die Reduktion der Maispflanzen kann zum Teil durch stärkere Einzelpflanzen kompensiert werden, da diese mehr Ressourcen zur Verfügung haben (Dawo *et al.*, 2009). So wurden 2014 in der Variante RA7,5 mit 25 % weniger Pflanzen nur 9 % weniger Ertrag gemessen als in der RA Variante mit 10 Pflanzen/m².

Als Reihenabstand im RA wurden praxisüblich 75 cm gewählt. Für die MK wurde ebenfalls ein Reihenabstand von 75 cm gewählt, da die Erntemaschine auf diese Reihenabstände ausgelegt war und engere Reihenabstände bei den Bonituren zu zusätzlichen Schädigungen an den Bohnenpflanzen geführt hätten. Die Beobachtungen der Feldversuche legen nahe, dass hier noch weiterer Optimierungsbedarf besteht. Breitere Reihenabstände und geringere Pflanzenabstände innerhalb der Maisreihen würden sicherlich das Lichtangebot für die Bohnen verbessern und die Bestandesdichte des Hauptertragsbildners Mais nicht verringern.

Düngung

2012 wurde eine Unterfußdüngung im RA durchgeführt nicht jedoch in der MK. Für die weiteren Versuchsjahre wurde in beiden Varianten auf eine Unterfußdüngung verzichtet, da von technischer Seite eine Unterfußdüngung in der MK nicht möglich war und eine ungleiche Düngung Vergleiche von Ertragsleistungen der Anbausysteme erschwert. Generell führt eine Gabe von Stickstoffdünger auch in der MK von Mais und Bohnen zu einer erhöhten Biomasseleistung (Morgado und Willey, 2003; Siame *et al.*, 1998). Durch eine starke

Biomassesteigerung der Bohne wird der Maisertrag um bis zu 30 Prozent im Vergleich zum RA reduziert (Davis und Garcia, 1983). Geringe Stickstoffgaben fördern hauptsächlich die Biomasse der Maispflanzen (Davis und Woolley, 1993). Einen Effekt der Stickstoffdüngung auf den Ertrag konnten Dawo *et al.* (2009) nicht feststellen. Allerdings wurde in der ungedüngten Variante eine erhöhte Kolonisierung der Wurzeln mit Mykorrhiza festgestellt.

Aussaattermin

Eine spätere Aussaat der Bohne nach dem Mais verringert die Fixierleistung der Bohne (Willey, 1979), erfordert eine weitere Überfahrt über das Feld und kann langfristig nicht das Ziel der Mischkultur sein (Pekrun *et al.*, 2014). Des Weiteren kann eine verzögerte Aussaat in der MK zu einer Ertragsreduktion führen (Dawo *et al.*, 2007; Francis *et al.*, 1982), da unter anderem die Beschattung der Bohne durch den Mais verstärkt wird (Tsubo und Walker, 2004). Dennoch wurde im Rahmen dieses Projektes die Aussaat der Bohne im 4 - 5 Blattstadium des Mais durchgeführt, da zu diesem Zeitpunkt nicht mehr mit Frösten zu rechnen ist, welche die frostempfindlichen Bohnen schädigen können. Hinzu kommt die schnelle Jugendentwicklung der Bohnen, die Schmidt (2012) bei anderen Arbeiten beobachten konnte. Der frühe Rankbeginn kann unter Anderem dazu führen, dass junge Maispflanzen von Bohnenpflanzen eingeschnürt werden. Dies konnte in dieser Arbeit nur vereinzelt beobachtet werden (s. Abbildung 21). Niedrige Bohnenerträge von 4 – 12 dt/ha in 2012 und 2013 (s. Tabelle 9) führten zu einer Vorverlegung der Bohnensaat in das 3 - 4 Blattstadium des Mais und Bohnenerträgen von 15 - 25 dt/ha (s. Tabelle 9).



Abbildung 21: Bohnenpflanze entwickelt sich zu schnell und schnürt den Mais ein (Göttingen, 2013)

Beikrautbekämpfung

Für die Beikrautbekämpfung können in dieser MK nicht die gängigen Herbizide des Reinanbaus von Mais angewendet werden (Pekrun *et al.*, 2014). Hier wurden die Mittel Stomp® und Stomp® Aqua verwendet. Zwei Wochen vor der Bohneraussaat wurde das Herbizid appliziert. Beim Durchwachsen des Spritzfilms auf dem Acker geraten die Beikräuter in Kontakt mit dem Herbizid und werden getötet. Dieser Spritzfilm wird durch Überfahrten bei der Aussaat der Bohne teilweise gestört. Um den Spritzfilm nicht komplett zu zerstören wurde 2013 auch darauf verzichtet, vor der Bohneraussaat zwischen allen Maisreihen zu hacken. Dies hätte unter Umständen in diesem Jahr zu einem höheren Bohnerertrag geführt, da der Boden auf Grund des stark verregneten Frühjahrs sehr fest war.

Stangenbohnsensorten

In ihren Experimenten konnten Pekrun *et al.* (2012) zwischen drei verschiedenen Stangenbohnsensorten keinen Ertragsunterschied in der MK feststellen. Basierend auf diesen Erfahrungen wurde im Rahmen dieser Arbeit im ersten Versuchsjahr die „Neckarkönigin“ verwendet. Zudem ist die „Neckarkönigin“ im kommerziellen Saatguthandel in ausreichender Menge verfügbar und hat ein TKG von 402 g. Ein höheres TKG hätte zu technischen Schwierigkeiten bei der Bohneraussaat geführt.

Zwei Wochen vor der Maisernte begann die „Neckarkönigin“ mit dem Abwurf ihrer Blattmasse. Im Gemüseanbau ein Vorteil, da nun die Hülsen leichter zu ernten sind, ist diese Eigenschaft bei der Erzeugung von Biomasse kontraproduktiv.

Auf Grund dieser Beobachtung wurden 2013 neben der „Neckarkönigin“ die Sorten „Bobis a grano nero“ und „Anellino verde“ verwendet. Beide Sorten waren ausreichend verfügbar, hatten ein TKG von < 400 g und sollten nach Aussage des Bohnenzüchters Friedemann Ebner das Potential für sehr hohe Biomasseleistung haben (Ebner, 2013). „Anellino verde“ wurde beschrieben bei ausreichend Platz „fingerdicke“ Stängel bilden zu können. Daraufhin wurde bei dieser Sorte die Pflanzendichte auf 5 Pflanzen/m² beschränkt.

Wider Erwarten ähnelte „Bobis a grano nero“ sehr der „Neckarkönigin“ in ihren agronomischen Eigenschaften während der Vegetationsperiode und warf auch kurz vor der Maisernte ihre Blätter ab. „Anellino verde“ hingegen konnte mit der verringerten Pflanzenzahl ähnliche Erträge erbringen wie die „Neckarkönigin“ und „Bobis a grano nero“. Hinzu kommt, dass sie zur Ernte noch Infloreszenz zeigte, ihre Blätter dunkel grün waren und sie sich weiterhin im Wachstum befand.

Diese Eigenschaften führten zur Weiterverwendung von „Anellino verde“ als alleinige Bohnensorte in den Versuchen in 2014. Die Pflanzenzahl wurde auf 10 Pflanzen/m² erhöht und der Aussattermin auf das 3-4 Blattstadium des Maises vorverlegt. Neben der Arbeit mit den drei Bohnensorten in 2013 wurden 33 weitere Sorten hinsichtlich ihres Ertragspotentials im Rahmen einer Bachelorarbeit in Göttingen und Einbeck getestet (Köhler 2014, unveröffentlicht). Im Rahmen des getesteten Materials konnte Köhler eine hohe genetische Variation in Bezug auf TME und TSG nachweisen (s. Abbildung 22). Die „Neckarkönigin“ zeigte in diesem Versuch einen geringen TME mit einem TSG von 22 %. Die zusätzliche genetische Variation, welche in tausenden Akzessionen in Genbanken (z.B. Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben) liegt, gilt es zu nutzen. Diese genetische Variation liefert im Bereich der Bohnensorte ein hohes Potential für Biomasseertragssteigerungen. Im Gegensatz zum Energiemais wurde bei der Stangenbohne als Gemüse nie auf eine hohe Gesamtbiomasse gezüchtet. Neben der hohen Biomasseleistung sollten bei einer Auswahl von Bohnensorten für die MK zur Biogasproduktion weitere Eigenschaften beachtet werden: Eine Kälte-/Frosttoleranz (für eine gemeinsame Aussaat mit dem Mais), ein geringes TKG und ein hoher Vermehrungskoeffizient (für eine wirtschaftliche Saatgutproduktion), sowie eine hohe Biomasse zum Zeitpunkt der Maisernte.

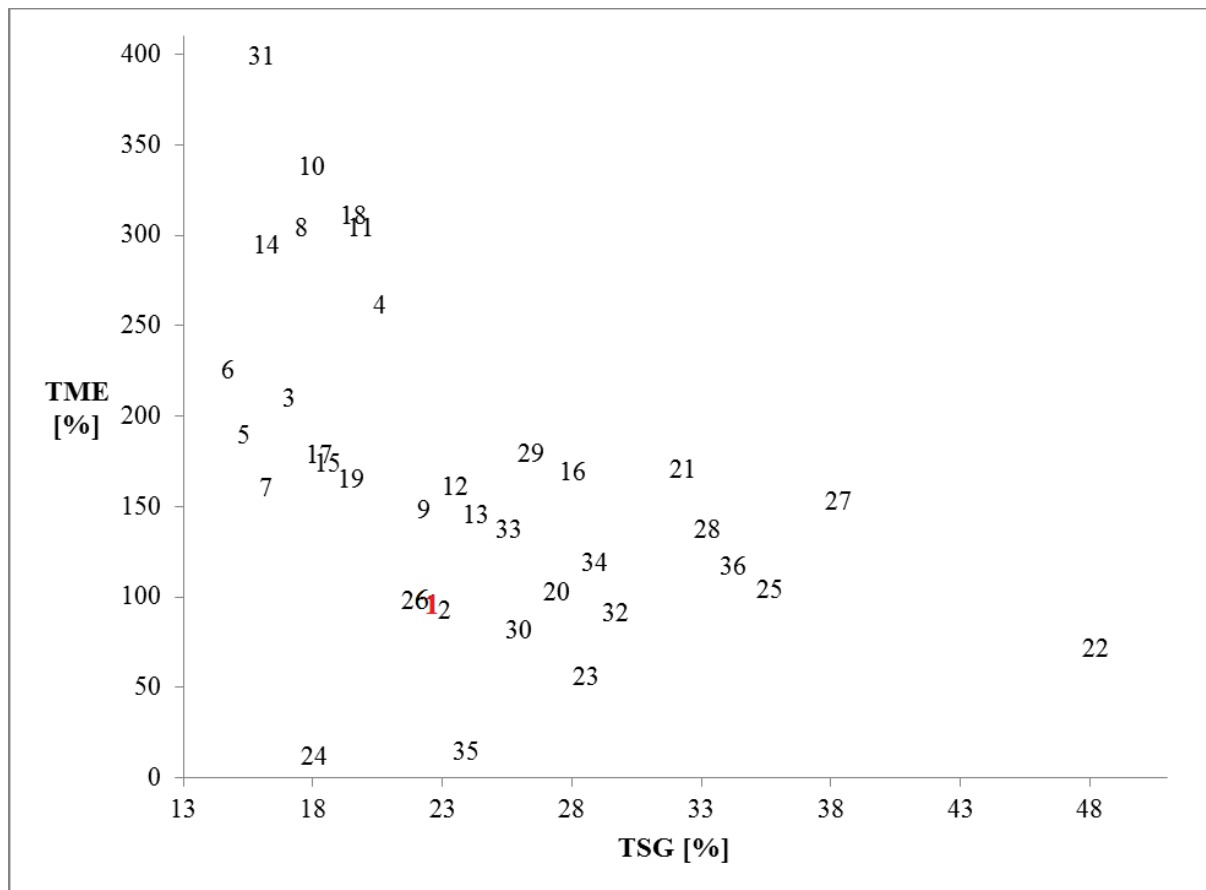


Abbildung 22: Relative Trockenmasseerträge (TME) und Trockensubstanzgehalte (TSG) verschiedener Bohnensorten ([Zahl] = Sorte; 1 = Neckarkönigin (entspricht 100 %), 2 = Bobis a grano nero, 3 = Anellino verde; geändert nach Köhler 2014 Bachelorarbeit, unveröffentlicht)

Diese Zieleigenschaften für „Energiebohnsorten“ wurden im Rahmen eines Aufstockungsprojektes dieser Arbeit formuliert und werden derzeit untersucht. Hinzuzufügen ist noch eine synchrone Entwicklung von Bohne und Mais. Ist eine der beiden Arten zu schnell für den Mischkulturpartner, wird der andere unterdrückt. Der Mais würde die Bohne zu sehr beschatten und die Bohne würde den Mais einschnüren (s. Abbildung 21).

Eine synchrone Entwicklung der Arten ist für die Verwendung zur Biomasseproduktion außerdem anzustreben, da zur Ernte die Silage einen möglichst homogenen TSG aufweisen muss. Allerdings stellt gerade eine Verwendung von Arten mit unterschiedlichen Reifezeiten allgemein eine der größten Möglichkeiten für die MK dar, da so die Anforderungen an die geforderten Ressourcen der einzelnen Mischkulturpartner komplementär arrangiert werden und keinen verstärkten Konkurrenzdruck entstehen lassen (Davis und Woolley, 1993; Osiru und Willey, 1976; Willey, 1979).

4.2. Bohnen und Maiserträge

Bohnererträge

In diesem Projekt konnten nur sehr geringe Bohnererträge von 4 – 26 dt/ha realisiert werden (s. Tabelle 9). Auch wenn man 2013 auf Grund der erschwerten Bedingungen ausklammert, liegen die Ertragsanteile der Bohnen bei 5 - 13 %. Dawo *et al.* (2007) erreichten 12 – 23 % Ertragsanteil. Hinzu kommt, dass sowohl bei Dawo *et al.* (2007) als auch in der vorliegenden Arbeit die gesamte Biomasse einer Parzelle geerntet wurde. Dies kann zu einer Überschätzung des Ertrages führen, da zum Parzellenende die Pflanzen mehr Licht bekommen als in der Parzellenmitte und so mehr Biomasse bilden (Davis *et al.*, 1987). Vor allem auf Seiten der Bohne konnte eine erhöhte Biomasseleistung zu den Parzellenenden in den Versuchen beobachtet werden. Es ist also davon auszugehen, dass dadurch die Bohnerertragsanteile überschätzt wurden.

Proteingehalte

Die geringen Ertragsanteile der Bohne kommen besonders zum Tragen, wenn an eine Erhöhung des Proteingehaltes zur Verfütterung an Rinder gedacht wird. Wenn der Gesamtproteinanteil der Bohnen bei circa 14 % und bei Mais bei 7 % liegt (s. Tabelle 10), wären Ertragsanteile von 50 % Bohne für eine Silage mit einem Proteingehalt von 10,5 % erforderlich.

Eine signifikante Steigerung des Proteinanteils im Mais der MK gegenüber des Maises im RA konnte anders als bei Dawo *et al.* (2007) nicht erreicht werden. Dawo *et al.* (2007) konnten durch eine Aussaat mit Bohnen den Proteingehalt im Mais um 2 % signifikant erhöhen. Der Proteingehalt der Bohne blieb dabei über verschiedene Pflanzendichten immer konstant und unterschied sich auch nicht von den Gehalten im RA der Bohne. Eine Steigerung des Proteingehaltes im Mais durch MK mit Stangenbohnen scheint möglich, jedoch ist die Fixierleistung von *Phaseolus*arten (14 - 51 kgN/ha in den Tropen) (Kipe-Nolt *et al.*, 1993; Tsai *et al.*, 1993) und der Stickstofftransfer von Leguminose zu Mais mit < 5 % des fixierten Stickstoffs (Giller *et al.*, 1991) sehr gering.

TSG

Bei der Verwendung zur Biogasproduktion kann der Proteingehalt vernachlässigt werden, da nur die Gesamttrockenmasse mit der Methanausbeute korreliert ist (Stolzenburg, 2012).

Kritischer ist der geringe TSG der Bohnen zur Silomaisreife von circa 17 % (s. Tabelle 9). Der ideale TSG für die Silierung von Mais liegt bei 32 %. Bei hohen Bohnenanteilen in der Silage ist mit einer veränderten Silierfähigkeit und extremen Sickersaftverlusten zu rechnen. Es gilt zu überlegen, ob ein höherer Hülsenanteil den TSG der Bohne erhöhen könnte. Dies könnte erschwert sein, da in MK Bohnen zu einer vermehrten Blatt- und Stängelproduktion neigen und so der Ernteindex gesenkt wird (Morgado und Willey, 2003; Tsubo und Walker, 2004). Der Kolbenanteil des Maises wird hingegen nicht vom Anbausystem signifikant beeinflusst (Tsubo und Walker, 2004). Hier sollte die Variation auf Seiten der Bohne (s. Abbildung 22) untersucht werden.

Gesamttrockenmasseertrag

Für die Betrachtung von Erträgen in MK gibt es verschiedene Ansätze. Ein weit verbreitetes Maß für die Bewertung der MK ist dabei das *Land Efficiency Ratio*. Dabei werden die einzelnen Erträge der Mischkulturpartner zu ihren Erträgen im RA in Relation gesetzt. (Willey, 1979).

Die Bewertung der MK mit dem *Land Efficiency Ratio* wird an dieser Stelle nicht vorgenommen, da sie auf den Relativwerten zum Reinanbau basiert und der Reinanbau von Stangenbohnen zur Biomassenutzung nicht stattfindet. In einem solchen Fall, in dem die Leistung der MK nur zu einer Steigerung gegenüber des RA eines Mischkulturpartners führen soll, ist es sinnvoller die Anbausysteme MK und RA der Referenzkultur direkt miteinander zu vergleichen (Willey, 1979). In dieser Arbeit konnten nicht in allen Parzellen die Erträge von Mais und Bohne getrennt erfasst werden, da dies einen extrem hohen Arbeitsaufwand erfordert. Ob mit der MK höhere Erträge als im RA erzielt werden ist vor allem von der Anpassung des Anbausystems an die Gegebenheiten vor Ort abhängig (Willey, 1979; Morgado und Willey, 2003). Im vorliegenden Fall konnten mit sehr geringen Kenntnissen über ackerbauliche Fragen und Sortenwahl 2014 schon beachtliche 97 % des RA erzielt werden (s. Tabelle 8). Dawo *et al.* (2007) konnten mit der MK von 7,5 Mais- und 5 Bohnenpflanzen 4 Prozent höhere Erträge als im RA mit 10 Maispflanzen/m² erzielen, jedoch lag das Ertragsniveau bei 120 - 130 dt/ha. Ein solches Ertragsniveau ist für den Anbau zur Biogasproduktion indiskutabel. Eine wahrscheinliche Überschätzung des Bohnenertrages wurde bereits erwähnt.

In der MK stehen Mais und Bohne in Konkurrenz zueinander. Bohnen- und Maisertrag sind negativ miteinander korreliert (Francis *et al.*, 1982; Leary und Smith, 1999) und beide Partner verlieren gegenüber des RA deutlich an Ertrag (Dawo *et al.*, 2009; Francis *et al.*, 1982).

Ein erhöhter Bohnenanteil kann zudem zu geringeren Gesamterträgen führen, wenn die Bohne den Mais stärker unterdrückt, als sie selber an Biomasse produziert (Davis und Garcia, 1983; Francis *et al.*, 1982). Dies konnte 2014 gezeigt werden, als in der Variante RA7,5 mehr Ertrag realisiert wurde, als in der MK. Es zeigt sich, dass im Durchschnitt die Maissorten von „Anellino verde“ mehr unterdrückt wurden, als die Bohne selbst zum Gesamtertrag beitragen konnte.

Einen signifikanten Einfluss der Bohnensorte auf den Maisertrag konnten Davis und Garcia (1983) bei der Untersuchung von 2 Mais- und 10 Bohnensorten beobachten. Diese Beobachtung konnte 2013 bei der Verwendung von drei Bohnensorten nicht bestätigt werden (s. Tabelle 19 und Tabelle 21), allerdings ist dieses Ergebnis auf Grund der geringen Anzahl an Bohnensorten und der sehr geringen Bohnenleistung in 2013 sehr fragwürdig.

Eine signifikante Mais- x Bohnensorten Interaktion konnten Davis und Garcia (1983) beim Auftreten von Lager bei Maispflanzen nachweisen. Der signifikante Einfluss der Bohnensorte auf die Standfestigkeit des Maises und diese Interaktion sind umso interessanter, da in den Versuchen von 2014 an allen Standorten in MK eine hohe Anzahl von Parzellen zum Zeitpunkt der Ernte im Lager waren. Mögliche Gründe sind hier die Last der Bohnen, unter denen der Mais zusammengebrochen ist, oder eine Veränderung des Mikroklimas durch die erhöhte Blattfläche im Bestand, wodurch Stängelfäulepilze begünstigt wurden. Es liegt nahe, dass Standfestigkeit bei Maissorten für den Anbau in MK ein wichtiges Merkmal ist (Davis und Garcia, 1983).

Diese Bohnensorten gilt es für die Zukunft zu finden, da sie im besten Fall sogar den Gesamtertrag wie bei Dawo *et al.* (2007) steigern können. Haben in den Tropen Mais und Stangenbohne eine Koevolution vieler tausend Jahre hinter sich, hat diese in Deutschland für den Biogasanbau gerade erst begonnen.

4.3. Reifekorrigierter Ertrag (RekoE) als Selektionsmerkmal

Wie bereits beschrieben, werden in der praktischen Energiemaissortenzüchtung zunächst die Merkmale TSG und TME betrachtet, wodurch bei der Selektion auf die Reifezeit der Genotypen Rücksicht genommen werden kann (s. 2.6). In dieser Arbeit wurde an Stelle des TME immer der koEr zur Selektion verwendet, da exakte Pflanzenzahlen je Parzelle vorlagen

und somit eine Korrektur von TME auf koEr ermöglichen. Eine Selektion, die nur den Ertrag und nicht den TSG in Betracht zieht, würde immer zu einer Selektion späterer Genotypen führen, da diese in der Regel einen höheren Ertrag liefern. Das Betrachten von TSG und Ertrag ermöglicht demnach eine Selektion von Hohertragssorten in allen Reifegruppen.

Für die Bewertung von Selektionsmethoden und Zuchtschemata wird der erwartete Selektionserfolg berechnet. Dieser ergibt sich aus Selektionsintensität, Heritabilität, genetischer Varianz und gegebenenfalls genetischer Korrelation vom Hilfsmerkmal zum Zielmerkmal (s. 2.7). Diese Parameter werden generell für den TME berechnet. Dabei wird außer Acht gelassen, dass auch der TSG bei der Selektion eine große Rolle spielt. Es stellt sich die Frage, ob der TME das beste Selektionskriterium ist.

In die Berechnung des RekoE (s. 2.5.4) fließen TSG und koEr in dem Maße ein, wie sie in den Selektionsgrafiken gewichtet werden. Genau wie die Selektionsgrafik setzt die Berechnung des RekoE 1 % absolut des TSG mit 1 % relativ des koEr gleich. Bei einer Selektion nach RekoE, werden daher die gleichen Genotypen selektiert, wie bei einer Selektion nach der Selektionsgrafik aus TSG und koEr (s. Tabelle 30). KoEr und RekoE sind hoch korreliert (s. Tabelle 31) und eine Selektion nach koEr oder RekoE führt zu sehr ähnlichen Ergebnissen (s. Tabelle 30). Als allein betrachtetes Merkmal gibt der RekoE die tatsächliche Selektion nach TSG und koEr exakt wieder.

Für die Berechnung des indirekten Selektionserfolges wird die genetische Korrelation von direktem und indirektem Merkmal benötigt. Auch hier unterscheiden sich die genetischen Korrelationen von RekoE in MK mit RekoE im RA und koEr im MK mit koEr im RA (s. Tabelle 32, 34 und Tabelle 36). Es ist davon auszugehen, dass eine Verrechnung mit Daten des RekoE zu Ergebnissen führt, die näher an einer Selektion sind, wie sie in der praktischen Züchtung vorgenommen wird. Daher wurde in dieser Arbeit die genetische Korrelation und Heritabilität des RekoE bei der Berechnung für den erwarteten Selektionserfolg verwendet.

4.4. Transmittierte Strahlung durch den Maisbestand und Chlorophyllgehalt als Selektionsmerkmale

Transmittierte Strahlung durch den Maisbestand

Der PAR kommt in der MK eine besondere Bedeutung zu, da durch die Zusammensetzung von Arten und Pflanzenarchitekturen eine besonders effiziente Ausnutzung dieser Ressource erfolgen kann (Davis und Woolley, 1993). In dieser Arbeit wurden hierzu Messungen mit dem SunScan Canopy Analysis System durchgeführt. Dabei wurde die transmittierte Strahlung

durch den Maisbestand erfasst (s. 2.5.5). Diese Strahlung ist für die jungen Pflanzen der Bohnen verfügbar und gibt - verrechnet mit der Strahlung über dem Bestand - den Beschattungsgrad der Bohnenpflanzen wieder. Solange die Maispflanzen noch klein sind, ist die Beschattung im Bestand vernachlässigbar; später wird sie für die Bohnenpflanzen problematisch (Tsubo und Walker, 2004). Ähnliche Beobachtungen konnten auch in dieser Arbeit gemacht werden. Beim Auflaufen der Bohnen war durch den großen Reihenabstand von 75 cm und den kleinen Maispflanzen eine geringe Beschattung des Bodens gegeben, so dass kurze Zeit zuvor noch Herbizidmaßnahmen erfolgen mussten. Bei einem Wachstum des Maises von circa 10 cm täglich in der Schosserphase, änderte sich dies schnell zu Beschattungsgraden im Mittel von 81 - 95 % (s. Tabelle 11, Tabelle 16 und 23). Bekannte Beschattungseffekte auf Leguminosen sind eine verminderte Biomasseleistung (Tsubo und Walker, 2004; Hang *et al.*, 1984; Stirling *et al.*, 1990) bei einem verstärktem Längenwachstum (Hang *et al.*, 1984; Stirling *et al.*, 1990), sowie dünnere Blätter (Stirling *et al.*, 1990) und eine Erhöhung der Strahlungsnutzungs-effizienz (Tsubo und Walker, 2004). Der Mais zeigt keine Beschattungseffekte durch die Bohne in der MK (Tsubo und Walker, 2004).

Besonders blattreiche (Davis und Garcia, 1993; Woolley und Smith, 1986) und hohe (Davis und Garcia, 1993) Maisgenotypen führen zu einer Reduktion des Bohnenertrages, während ein zu kleiner Mais unter sehr wüchsigen Bohnen leiden kann (Davis und Garcia, 1993).

Eine negative Korrelation des Bohnenertrages mit Maishöhe und -blattfläche konnten Soto-Guevara und Smith (1991) feststellen. Positiv korreliert ist der Bohnenertrag mit dem Blattwinkel des Maises (Soto-Guevara und Smith, 1991). Einen Idealtyp des Maises für die MK mit Stangenbohnen formulierten Davis und Garcia (1993) als mittelhoch, mit langen Internodien und schmalen Blättern.

Eine Kombination aller Merkmale resultiert im Beschattungsgrad im Bestand. Es wurde erwartet, dass Maisgenotypen, die besonders viel Licht zum Boden lassen, das Bohnenwachstum stimulieren und in diesen Parzellen höhere Gesamterträge zu messen gewesen wären. Vor dem Hintergrund, dass eine Prüfung in MK zusätzliche Ressourcen benötigt (s. 3.9), wurden die SunScan-Messungen im RA durchgeführt. Könnten die Messungen im RA eine Eignung von Maisgenotypen für die MK vorhersagen, wäre eine Selektion ohne Prüfung der Genotypen in MK möglich.

Die Wiederholbarkeiten bzw. Heritabilitäten der SunScan Messungen waren sehr gering (s. Tabelle 11, Tabelle 16 und 23), so dass keine signifikanten Korrelationen von ausreichender Höhe zu interessanten Selektionsmerkmalen festgestellt wurden (s. Tabelle 12, Tabelle 17 und Tabelle 24). Die geringen Wiederholbarkeiten können zum Teil durch die Messmethode oder die verwendeten Genotypen erklärt werden. Der Reihenabstand betrug 75 cm und es wurde in der Mitte der Parzelle parallel zu den Maisreihen gemessen. Tsubo und Walker (2004) haben Messungen im neunzig Grad Winkel zu den Reihen durchgeführt. Da zu einem relativ späten Zeitpunkt gemessen wurde, kann es sein, dass die Differenzierung von Beschattungsgraden zwischen den Maisgenotypen nicht mehr ausreichend groß war, um eine ausreichend hohe Heritabilität zu erzielen. Möglich ist auch, dass die genetische Variation der Maisgenotypen in Bezug auf dieses Merkmal nicht ausreichend groß war. Es wurde aktuelles Zuchtmaterial aus dem Energiemaisprogramm der KWS SAAT AG verwendet, da diese Genotypen für das Erreichen von hohen Biomasseerträgen prädestiniert sind. Diese Genotypen sind in der Regel höher und blattreicher als Körnermaissorten.

Die zusätzliche Verwendung von Körnermaisgenotypen als Prüfglieder hätte sehr wahrscheinlich zu einer größeren genetischen Variation und einer höheren Heritabilität der SunScan Messungen geführt. Allerdings ist der Mais der Ertragsbildner in der MK und Körnermaisgenotypen wären wahrscheinlich im ersten Jahr nicht selektiert geworden, da sie zu wenig Biomasse bilden. Hinzu kommt, dass in den Jahren 2012 und 2013 die Prüfglieder der jeweiligen Genpools immer nur mit einem Tester des anderen Pools gekreuzt wurden. Eine Kreuzung mit mehreren Testern hätte an dieser Stelle zu einer höheren genetischen Variation geführt.

Chlorophyllgehalt

Eine hohe Eignung für den Anbau in MK erfordert eine Maximierung von Komplementarität an Stelle von maximaler Konkurrenzkraft der Mischungspartner (Willey, 1979; Davis und Woolley, 1993). Dies kann durch eine gesteigerte Ressourceneffizienz (Wasser, Strahlung, Nährstoffe) erreicht werden (Willey, 1979), da Genotypen mit erhöhter Effizienz weniger Ressourcen brauchen und mehr für den Mischungspartner lassen. Stickstoff ist ein wichtiger Faktor der Biomasseproduktion und seine Gehalte in Pflanzen sind eng mit dem Chlorophyllgehalt verknüpft. So kann eine indirekte Messung der Chlorophyllgehalte Aussagen über den Stickstoffgehalt und Stickstoffversorgungsgrad einer Pflanze ermöglichen (Peterson *et al.*, 1993). Es wurde erwartet, dass hohe SPAD-Werte (hohe Stickstoffgehalte)

des Maises auf einen guten Versorgungsgrad der Maispflanzen schließen lassen und mit dem Gesamtertrag der Parzelle korreliert sind.

Die moderaten Heritabilitäten der SPAD-Messungen in 2012 von 38 – 60 % (s. Tabelle 11) führten in den Folgejahren zu einer zweiten Messung zum Zeitpunkt der Ernte, da zu diesem Zeitpunkt eine höhere Differenzierung der Genotypen für dieses Merkmal erwartet wurde. 2013 machte ein Frost kurz vor der Ernte die Daten der SPAD2-Messungen unbrauchbar (s. Tabelle 16). In den SPAD1-Messungen konnte 2013 und 2014 die Heritabilität auf 50 – 94 % erhöht werden (s. Tabelle 16 und 23). Die hohen Heritabilitäten bei allen Merkmalen in der MK 2013 sind sehr wahrscheinlich darauf zurückzuführen, dass in diesem Jahr in der MK drei Bohnensorten verwendet wurden und dadurch mehrere Wiederholungen über die Bohnen in die Auswertung mit eingingen. Nichts desto trotz konnte keine ausreichend hohe signifikante Korrelation zu interessanten Selektionsmerkmalen beobachtet werden.

4.5. Wird ein spezielles Zuchtprogramm für die Entwicklung von Energiemaissorten für den Anbau in MK benötigt?

Mit Erträgen der MK von 97 % oder sogar 104 % (Dawo *et al.*, 2007) im Vergleich zum RA, sowie einer Anerkennung von Mischkulturen im Zusammenhang mit Greeningprämien (Ministerium für Ländliche Entwicklung Umwelt und Landwirtschaft Land Brandenburg, 2014), sind gute Voraussetzungen für die Akzeptanz der Mais-Stangenbohnen-MK unter den Landwirten geschaffen. Des Weiteren ist der Anbau von Mais den meisten Landwirten bereits sehr vertraut, wodurch die Landwirte bei einer Mais-Stangenbohnen-MK auf ihre Erfahrungen und technischen Gerätschaften aus dem Maisreinanbau zurückgreifen können. Mögliche technische Schwierigkeiten, welche eine MK oft mit sich bringt (Willey, 1979), wie etwa die Einschränkung von Herbizidmaßnahmen (Pekrun *et al.*, 2014) oder die nachträgliche Aussaat der Bohne stellten sich in dieser Arbeit als unproblematisch dar. Lediglich ein Verbiss von Bohnen wie in Grucking (2012) und geringe Bohnenertragsanteile konnten beobachtet werden. Eine frühere Aussaat der Bohnen sowie Ertragssteigerungen bei Mais und Bohne sind durch das Verwenden von angepassten Mais- und Bohnensorten zu erwarten (s. 4.1).

Bei einer Anbaufläche von über 800.000 ha (2014) Energiemais in Deutschland stellt sich daher für Pflanzenzüchtungsunternehmen die Frage, ob ein eigenes Zuchtprogramm zur Entwicklung von Energiemaissorten für den Anbau in MK mit Stangenbohnen notwendig ist oder ob ein Test von Genotypen aus dem normalen Zuchtprogramm für Energiemais in einem späten Stadium der Züchtung ausreicht. Für die Beantwortung dieser Frage können die

Interaktionen der Maisgenotypen mit dem Anbausystem und die genetischen Korrelationen der reifekorrigierten Trockenmassenerträge über die Anbausysteme betrachtet werden. Ein weiterer Schritt ist die Bewertung von direkter und indirekter Selektion.

Interaktionen

Durch eine Varianzanalyse können Genotyp x Anbausystem Interaktionen erfasst werden. Sie sind die Voraussetzung für ein neues Zuchtprogramm (Smith und Francis, 1986). Es ist bekannt, dass in MK die dominierende Kultur weniger Genotyp x Anbausystem Interaktionen zeigt als die dominierte Kultur (Davis und Garcia 1983). So fand Balcha (2014) sowie Davis und Garcia (1983) eine signifikante Genotyp x Anbausystem Interaktion auf den Ertrag für Bohne. Davis und Garcia (1983) konnten aber keine Interaktion für den Ertrag von Maisgenotypen mit Anbausystemen feststellen. Wie bereits in 4.1 erwähnt, wurde eine signifikante Maisgenotyp x Anbausystem Interaktion in Bezug auf Standfestigkeit ermittelt (Davis und Garcia, 1983). O’Leary und Smith (1999) konnten eine signifikante Maisgenotyp x Anbausystem Interaktion für den Maisertrag feststellen ($p = 0,067$), allerdings wurden dabei vier Genotypengruppen miteinander verglichen, welche auf Grund ihrer Erträge in RA und MK (mit einer Buschbohne) sowie ihrer Blattwinkel ausgesucht wurden. Es wäre denkbar, dass eine Stangenbohne stärker zwischen den Genotypen differenziert hätte. Da eine starke Vorselektion auf einen sehr unterschiedlichen Pflanzenhabitus stattgefunden hat, wäre eigentlich mit einer höheren Genotyp x Anbausystem Interaktion als in der vorliegenden Arbeit zu rechnen gewesen.

In der vorliegenden Arbeit wurden die Erträge nicht getrennt erfasst, wodurch nicht die Maisgenotyp x Anbausystem Interaktion sondern die (Maisgenotyp + Bohnen) x Anbausystem Interaktion untersucht wurde.

Konnte 2012 noch eine Interaktion beim RekoE zwischen Maisgenotyp und Anbausystem festgestellt werden (s. Tabelle 13 und Tabelle 14), war dies in 2014 nicht möglich (s. Tabelle 26). Dies wundert insofern, als dass 2014 Hybriden getestet wurden, deren Elternlinien in unterschiedlichen Anbausystemen selektiert wurden. Es wurde erwartet, dass die Hybriden in dem Anbausystem besonders starke Erträge zeigen, in dem ihre Eltern selektiert wurden. Tatsächlich war zu beobachten, dass einige Hybriden in allen Anbausystemen überragende Leistungen zeigten und der Rest der Prüfglieder sich nicht klar voneinander abgrenzte (s. Abbildung 18 bis Abbildung 20). Hinzu kommt, dass in 2012 alle Mutterlinien eines Genpools immer mit dem gleichen Tester gekreuzt wurden, so dass die genetische Varianz

geringer war, als bei den Experimentalhybriden in 2014 (s. Tabelle 32, Tabelle 34 und Tabelle 36).

Die von Zimmermann *et al.*, (1984) beobachtete höhere Heritabilität für den Ertrag bei Bohnen in der MK im Vergleich zum RA konnte für den RekoE in den Denttesthybriden 2012 und den Experimentalhybriden 2014 festgestellt werden (s. Tabelle 32, Tabelle 34 und Tabelle 36). In den Flinthybriden 2012 war die Heritabilität im RA leicht höher als in der MK. Die deutlich höheren Heritabilitäten der MK in 2013 (s. Tabelle 16) unterstützen diese Aussage nur bedingt, da in jedem Anbausystem unterschiedliche Genotypen getestet wurden und der MK die dreifache Menge an Daten zugrunde liegt. Grund ist das Verwenden von drei Bohnensorten in MK.

Es konnten wie bei Zimmermann *et al.* (1984) in allen Jahren deutlich höhere genetische Varianzen beim RekoE in MK ermittelt werden. Zimmermann *et al.* (1984) vermuten, dass die MK entweder eine homogenere Umwelt oder eine Erhöhung der genetischen Varianz schafft. Da sich die MK vom RA durch eine andere Maispflanzendichte und den Bohnen unterscheidet, wurden alle Prüfglieder 2014 zusätzlich in einer der Variante RA7,5 getestet. Es wurde erwartet, dass sich aus der Analyse dieser Versuche folgern lässt, ob die Bohne, die Pflanzendichte oder beides zusammen mit dem Mais interagieren. Für den Fall, dass die Maisgenotypen nur mit der Pflanzendichte interagieren, könnten zukünftige Zuchtprogramme auf den Anbau mit Bohnen verzichten und den Mais lediglich in reduzierter Pflanzendichte testen. Für den koEr und den RekoE konnten bei diesen Untersuchungen keine Genotyp x Anbausystem Interaktionen gefunden werden. Für den TSG ergab sich eine signifikante Genotyp x Anbausystem Interaktion nur beim Vergleich von MK und RA7,5 (s. Tabelle 25). Weder bei dem Vergleich von MK und RA sowie beim Vergleich der beiden Varianten des Reinanbaus konnten weitere Genotyp x Anbausystem Interaktionen gefunden werden.

Korrelationen

Für den RekoE wurden mittlere bis hohe Korrelationen zwischen den Anbausystemen erwartet. Zum Einen, da Genotypen, welche in MK überzeugen auch im RA überzeugende Leistungen zeigen (Davis und Woolley, 1993), zum Anderen da das genetische Material mit Eignung als Energiemaissorte vorselektiert war. 2012 mit einem Bohnenanteil von nur 5 % (s. Tabelle 9) betrug die genetische Korrelation zwischen den reifekorrigierten Trockenmassenerträgen der Anbausysteme 0,76 - 0,83 (s. Tabelle 32 und Tabelle 34) und in 2014 mit 6 - 12 % Bohnenanteil 1,06 (s. Tabelle 36). Werte von über eins sind möglich, da die Berechnung der genetischen Korrelation einen hohen Schätzfehler hat. Die sehr hohe

genetische Korrelation in 2014 ist unter anderem durch das Verwenden von zwei sehr leistungsstarken Dentmutterlinien zu erklären. Wie in den Selektionsgrafiken 2014 (s. Abbildung 18 bis Abbildung 20) zu sehen ist, gibt es ein Cluster aus sehr guten Hybriden deren Dentmutterlinien eine sehr hohe Dent GCA zeigen (s. Tabelle 29). Diese Linien zeigten, wie erwartet sehr gute Leistungen in allen Anbausystemen. Für die praktische Züchtung sind allerdings gerade die Genotypen interessant, die nicht einer bestehenden Korrelation zwischen zwei Anbausystem folgen (Galwey *et al.*, 1986).

Indirekte und direkte Selektion

Die genetischen Korrelationen und Heritabilitäten bieten die Möglichkeit Zuchtmethoden an Hand des erwarteten Selektionserfolgs zu bewerten (s. 3.9). Die Verrechnungen zeigen bei den Flinttesthybriden 2012 einen erwarteten Selektionserfolg der direkten Selektion von 21,96 dt/ha gegenüber 21,59 dt/ha der indirekten Selektion, wenn unter der indirekten Selektion die Selektionsschärfe verdoppelt wird (s. Tabelle 33). Bei den Denttesthybriden war 2012 war der erwartete Selektionserfolg der direkten Selektion mit 20,90 dt/ha höher als bei einer Verdopplung der Selektionsschärfe in der indirekten Selektion mit 17,75 dt/ha (Tabelle 35).

Obwohl die genetische Varianz der MK beim RekoE mehr als doppelt so hoch war, als im RA gibt es nur geringe Unterschiede in den Heritabilitäten (s. Tabelle 36). Durch die genetische Korrelation der Merkmale von 1,00 ergibt sich, dass die indirekte Selektion, bei Verdopplung der Selektionsschärfe deutliche Vorteile bietet (Tabelle 37). Eine genetische Korrelation hat einen hohen Schätzfehler, dennoch zeigen die Verrechnungen, dass erst bei einer genetischen Korrelation von kleiner als 0,85 die direkte Selektion zu einem höheren Selektionserfolg führt (Tabelle 37).

Da keine exakten Kostenberechnungen für Parzellen in MK und RA vorliegen, wurde hier nur die Anzahl der Parzellen berücksichtigt, was eine Verdopplung der Selektionsintensität ermöglichte. Allerdings ist davon auszugehen, dass eine Parzelle in MK mit Mehrkosten gegenüber einer Parzelle im RA verbunden ist. Dies würde bedeuten, dass eine Verrechnung mit Kosten/Parzelle wahrscheinlich zu etwas höheren Selektionserfolgen auf Seiten der indirekten Selektion führt.

Zuchtprogramm

Harper (1967) und Schmidt (2013) gehen davon aus, dass bei einer Etablierung einer MK nicht automatisch die Mischungspartner schon die Eigenschaften aufweisen, die sie für eine effektive MK brauchen. Daher ist unter Umständen ein spezielles Zuchtprogramm notwendig, um die ökologische Kombinierfähigkeit zu entwickeln (Harper, 1967), da nur ein eigenständiges Zuchtprogramm je Anbausystem zu überragenden Sorten je Anbausystem führen kann (Francis *et al.*, 1978).

Jedoch ist ein Zuchtprogramm, in dem zwei Kulturen diallel miteinander geprüft werden (Hamblin, *et al.*, 1976) mit hohem Aufwand verbunden und angesichts der hohen genetischen Korrelationen und nur teilweise gefundenen Interaktionen nicht unbedingt zu rechtfertigen. Aus Sicht der Maiszucht scheint es ein vernünftiger Vorschlag zu sein, vorerst im RA auf qualitative Merkmale zu selektieren (Davis und Woolley, 1993). Hierzu gehören neben wichtigen Resistenzen für den RA auch Eigenschaften, welche die Kompatibilität der Maispflanzen im Gemenge erhöhen (Davis und Woolley, 1993), wie Blattbreite und -winkel (Davis und Garcia, 1983). Die geringen Interaktionen zeigen, dass zunächst auch im RA eine Selektion auf Ertrag erfolgen kann. Unabhängig von der Selektionsmethode sollten die Ertragsanteile der Mischungspartner ermittelt werden. Dies ist wichtig für das Erstellen eines Zuchtprogramms und das definieren von Zuchtzielen (Davis und Woolley, 1993), da durch die negative Korrelation von Mais und Bohnenertrag (Francis *et al.*, 1982) sich Ertragseffekte teilweise aufheben. So wird auch ein Teil des Zuchtfortschritts für den einen Mischungspartner durch den anderen kompensiert (Davis und Woolley, 1993). Ein Gleichbleiben der Maiserträge bei einer Zunahme der Bohnenerträge könnte aber auch als ein Zuchtfortschritt des Maises gewertet werden, wenn der Mehrertrag der MK auf einer höheren Kompatibilität des Maises beruht (Davis und Woolley, 1993).

Ohne Kenntnis der Ertragsanteile kann nicht gesagt werden, ob der Mehrertrag einer Parzelle, durch einen besonders starken Mais oder einer starken Bohne erbracht wurde. Besonders interessant wird dieser Aspekt, wenn nicht mehr die Gesamtbiomasse im Vordergrund steht, sondern ein hoher Anteil der Bohnen etwa zur Proteinerhöhung einer Mais(bohnen)silage. Hier bietet die Bestimmung von Leguminosenertragsanteilen mittels NIRS ein großes Potential. Locher *et al.* (2005) kommen bei Bestimmung von Leguminosenanteilen in Graslandaufwüchsen (bestehend aus neun Spezies) mittels NIRS zu Standardfehlern der Vorhersage von < 6 %.

In dieser Arbeit standen am Ende der Selektion in MK Experimentalhybriden, die auch im RA überragende Leistungen zeigten. Ob dies an der höheren Varianz des RekoE in der MK (s.

Tabelle 32, Tabelle 34 und Tabelle 36) oder einer Selektion auf besonders kräftige Maisgenotypen liegt, die selbst unter der Konkurrenz der Stangenbohne Leistung bringen, kann nicht abschließend gesagt werden. Dennoch unterstützen diese Ergebnisse die Aussage von Davis und Woolley (1993), dass zumindest Maisgenotypen, die in MK die höchsten Biomasserträge erbringen auch im RA sehr gute Leistungen zeigen. Weitere Versuche mit einer erhöhten Anzahl an Bohnengenotypen, eine Erfassung von Bohnenertragsanteil in allen Parzellen sowie eine Untersuchung der Maispflanzenarchitektur könnten wertvolle Kenntnisse für das tiefere Verstehen der Mais x Bohnen Interaktion liefern.

Vielleicht sollte unter diesen Umständen nicht nur über die Notwendigkeit eines Zuchtprogramms für Mais mit Eignung zur MK mit Stangenbohne nachgedacht werden. Es stellt sich vor allem die Frage: Führt eine Selektion in MK zu überragenden Maissorten?

5. Zusammenfassung

Im Rahmen der Biogasgewinnung in Deutschland wurde Mais schnell zum beliebtesten Substrat für den Einsatz in Biogasanlagen. Die damit verbundene, rasante Steigerung der Maisanbaufläche wurde mit Einführung des „Maisdeckels“ (EEG 2012, § 27) vorerst gestoppt. Dieser begrenzt die Nutzung von Mais und Getreidekorn als Substrat in Biogasanlagen (mit Inbetriebnahme nach 1.1.2012) bei 60 % sofern ein Anspruch auf Förderung bestehen soll. Dennoch ist die Akzeptanz des Maisanbaus in der Öffentlichkeit stark gesunken und wird unter dem Begriff „Vermaisung“ mit einer Vielzahl negativer Aspekte diskutiert. Hierzu gehören neben ökologische Folgen, wie Biodiversitätsverlust und Grünlandumbrüchen auch ökonomische wie eine Erhöhung der Pachtpreise und ethische Argumente wie der „Teller oder Tank“ Konflikt.

Um zukünftig sowohl ökonomischen als auch ökologischen Ansprüchen zu genügen, bietet der Maisanbau mit Stangenbohnen in Mischkultur eine interessante Alternative. Die Stangenbohnen bieten eine Nahrungsquelle für Bestäuberinsekten und das Potential die Stickstoffdüngung in der Mischkultur zu reduzieren. Zur Nahrungsmittelproduktion ist dieses System in den Tropen weit verbreitet und auch in Deutschland konnte es auf Anrieb in Vorversuchen zur Biomasseproduktion sehr hohe Erträge erzielen. Die vielversprechenden ersten Erfahrungen führen zu der Frage, ob spezielle Maisgenotypen und –zuchtprogramme sinnvoll sind, welche die Erträge weiter steigern können, oder ob die gängigen Maissorten geeignet sind.

Hierzu wurden zunächst 2012 180 Testhybriden (90 Flintlinien mit einem Denttester sowie 90 Dentlinien mit einem Flinttester) sowohl im Reinanbau (10 Maispflanzen /m²) als auch in Mischkultur (7,5 Maispflanzen/m²) mit der Stangenbohnen Sorte „Neckarkönigin“ (7,5 Bohnenpflanzen/m²) an drei Standorten (Göttingen, Einbeck, Grucking) angebaut, von denen lediglich Einbeck auswertbar war. Aufgrund der Gesamttrockenmasseleistung ihrer Testkreuzungen wurden für jedes Anbausystem die besten 20 Flint- und 20 Dentlinien selektiert. Die Bohnerertragsanteile lagen auf Grund der Frühreife der „Neckarkönigin“ bei durchschnittlich nur 5 % und resultierten in der Aufnahme der Bohnensorten „Bobis a grano nero“ und „Anellino verde“ in die Versuche der Mischkultur im folgenden Jahr. Die selektierten Maislinien wurden im Winterzuchtgarten erneut mit einem Tester des anderen Genpools gekreuzt und 2013 in dem Anbausystem angebaut, in dem sie im Vorjahr selektiert wurden. Der Anbau erfolgte an drei Standorten (Göttingen, Einbeck, Eutingen). Auf Grund der schlechten Frühjahrswitterung konnten nur die Versuche in Göttingen und Einbeck ausgewertet

werden. Die Bohnenertragsanteile 2013 lagen bei durchschnittlich nur 2 %, jedoch konnte sich „Anellino verde“ durch eine ausgeprägte Spätreife auszeichnen. Aus den 20 Testhybriden je Genpool und Anbausystem wurden die besten 5 Flint- bzw. Dentlinien je Anbausystem selektiert. Bei den Flintlinien aus der Mischkultur wurde aus versuchstechnischen Gründen nur 4 Linien selektiert. Im Winterzuchtgarten wurden die 5 Flint- und Dentlinien, welche im Reinanbau selektiert wurden, faktoriell miteinander gekreuzt. Gleiches gilt für die 4 Flint- und 5 Dentlinien aus der Mischkultur. So entstanden 45 Experimentalhybriden, welche im letzten Versuchsjahr 2014 sowohl in Reinanbau mit 7,5 Maispflanzen/m² und 10 Maispflanzen/m² als auch in Mischkultur mit „Anellino verde“ (7,5 Maispflanzen/m² und 10 Bohnenpflanzen/m²) an den Standorten Göttingen, Einbeck und Eutingen untersucht wurden. In diesem Jahr konnten Bohnenertragsanteile von bis zu 13 % erreicht werden.

In der Maiszüchtung werden bei der Selektion der Trockenmasseertrag und der Trockensubstanzgehalt betrachtet. Zur Berechnung des erwarteten Selektionserfolges wurde daher mit dem reifekorrigierten Ertrag (RekoE) ein Merkmal berechnet, welches Trockenmasseertrag und Trockensubstanzgehalt berücksichtigt. Für dieses Merkmal zeigen 2012 signifikante Maisgenotyp x Anbausystem Interaktionen, dass ein spezielles Zuchtprogramm zur Entwicklung von Maissorten für den Anbau in Mischkultur sinnvoll sein kann. Allerdings lagen die genetischen Korrelationen zwischen RekoE im Reinanbau und RekoE in Mischkultur bei 0,76 – 0,83. Diese hohen Korrelationen lassen eine indirekte Selektion auf Mischkultureignung des Maises attraktiv erscheinen. Hierbei würde im Reinanbau indirekt auf das Zielmerkmal (Mischkultureignung) selektiert. Unter Berücksichtigung, dass eine Selektion in Mischkultur (direkte Selektion) zusätzliche Ressourcen verlangt und Mais ohnehin im Reinanbau in der praktischen Maiszüchtung getestet wird, konnte kein Vorteil auf Seiten der direkten Selektion gegenüber der Selektion im Reinanbau (indirekte Selektion) bei den Flinttesthybriden ermittelt werden. Bei den Denttesthybriden hingegen konnten Vorteile einer direkten Selektion ermittelt werden, da in der Mischkultur die Heritabilität um 0,08 höher war als im Reinanbau.

2014 konnten keine Maisgenotyp x Anbausystem Interaktionen nachgewiesen werden und die Schätzwerte für die genetischen Korrelationen zwischen Reinanbau und Mischkultur lagen bei 1. Dies führt zu der Schlussfolgerung, dass wahrscheinlich kein eigenständiges Zuchtprogramm für Mais in Mischkultur zu rechtfertigen ist. Stattdessen könnte zunächst im Reinanbau eine Vorselektion stattfinden mit einer abschließenden Prüfung in Mischkultur. Obwohl in den Versuchen nur geringe Bohnenanteile realisiert wurden, resultierten aus den in Mischkultur selektierten Linien einige sehr leistungsstarke Hybriden. Eine dieser Hybriden

befindet sich zur Zeit durch die KWS SAAT AG in der Anmeldung zur Sortenzulassung beim Bundessortenamt.

Für die zukünftige Etablierung der Mischkultur von Mais und Bohnen zur Biomasseproduktion gilt es nun auf Seiten der Bohne das genetische Potential für dieses Anbausystem zu untersuchen und zu nutzen. Erste Begleitversuche im Rahmen dieser Arbeit haben gezeigt, dass hier ein enormes Potential liegt.

6. Literaturverzeichnis

- Alwera, 2015. www.alwera.at (abgerufen am 29.04.2015).
- Agentur für Erneuerbare Energien, 2013. “Kritik an Biokraftstoff im Faktencheck, Debatte um Ausbauziele und Ethik erfordert mehr Differenzierung.“ Agentur für Erneuerbare Energien, Renew's Kompakt 11.10.2013.
- Balcha, A., 2014. “Genetic Variation for Grain Yield of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Sole and Maize-Bean Intercropping Systems.” Asian Journal of Crop Science 2: 158–164.
- BSA, 2001. http://www.bundessortenamt.de/internet30/fileadmin/Files/PDF/bsl_wurzelgemuese_2001.pdf (abgerufen am 29.04.2015)
- Bundesamt für Naturschutz, 2014. “Die Lage der Natur in Deutschland - Ergebnisse von EU-Vogelschutz- und FFH-Bericht.“ Bundesamt für Umwelt, Naturschutz, Bau und Reaktorsicherheit. Berlin/Bonn, 26. März 2014
- Davis, J.H.C. und Garcia, S., 1983. “Competitive Ability and Growth Habit of Indeterminate Beans and Maize for Intercropping.” Field Crops Research 6: 59–75.
- Davis, J.H.C., Román, A., Garcia, S., 1987. “The Effects of Plant Arrangement and Density on Intercropped Beans (*Phaseolus vulgaris* L.) and Maize. II. Comparison of Relay Intercropping and Simultaneous Planting.” Field Crops Research 16: 117–28.
- Davis, J.H.C. und Wooley, J.N., 1993. “Genotypic Requirement for Intercropping.” Field Crops Research 34: 407–430.
- Dawo, M.I., Wilkinson, M.J., Pilbeam, D.J., 2009. “Interactions between Plants in Intercropped Maize and Common Bean.” Journal of Science of Food and Agriculture 89: 41–48.
- Dawo, M.I., Wilkinson, M.J., Sanders, F.E.T., Pilbeam, D.J., 2007. “The Yield and Quality of Fresh and Ensiled Plant Material from Intercropped Maize (*Zea Mays*) and Beans (*Phaseolus vulgaris*).” Journal of Science of Food and Agriculture 87: 1391–99.
- Die Welt, 2007. “Nabu warnt vor “Vermaisung.”“ 25.05.2007, Heft 120, S. 40.
- DMK, 2015. “Pressemitteilung, Maisanbaufläche bleibt konstant.“ <http://www.maiskomitee.de/web/intranetNews.aspx> (abgerufen am 29.04.2015).
- Ebner, 2013. persönliche Mitteilung, Friedemann Ebner, Satina Rheinau 12.04.2013
- Eder, J. und Papst, C., 2004. “Entwicklungstrends in der Züchtung von Maissorten für den Einsatz in Biogasanlagen.” Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, (Dezember 2004), Biogas in Bayern 13: 29-43.

- EEG, 2000. "Erneuerbare-Energien-Gesetz" 2000, BGBl. I, S. 305.
- EEG, 2012. "Erneuerbare-Energien-Gesetz" 2012, BGBl. I, S. 2074 .
- EEG, 2014. "Erneuerbare-Energien-Gesetz" 2014, BGBl. I, S. 1066.
- Falconer, D.S. und Mackay, T.F.C., 1996 "Introduction to Quantitative Genetics." Benjamin Cummings, 16.02.1996, S.: 480
- Fischer, J. und Böhm H., 2013a. „Ertrag und Futterwert von Mais-Bohnen Gemengen als Ganzpflanzensilage in der Milchviehfütterung. “ In: Neuhoff D, Stumm C, Ziegler S, Rahmann G, Hamm U, Köpke U (Editors) Beiträge zur 12. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau : Ideal und Wirklichkeit: Perspektiven ökologischer Landbewirtschaftung. Berlin: Köster, S.: 470-471
- Fischer, J. und Böhm, H., 2013b. „Mais-Bohnen-Gemenge: Eintopf für die Kühe?“ Top Agrar 10/2013: 68-71.
- FNR e.V., 2014. "Basisdaten Bioenergie Deutschland 2014." Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V., September 2014, Gülzow-Prüzen, S.: 32,37.
- Francis, C.A., Prager, M., Laing, D.R., Flor, C.A., 1978. "Genotype by Environment Interactions in Bush Bean Cultivars in Monoculture and Associated with Maize." Crop Science 18: 237-242.
- Francis, C.A., Prager, M., Tejada, G., 1982. "Effects of Relative Planting Dates in Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and Maize (*Zea mays* L.) Intercropping Patterns." Field Crops Research 5: 45–54.
- Galwey, N.W., de Queiroz, M.A., Willey, R.W., 1986. "Genotypic Variation in the Response of Sorghum to Intercropping with Cowpea, and in the Effect on the Associated Legume." Field Crops Research 14: 263–90.
- Giller, K.E., Ormesher, J., Awah, F.M., 1991. "Nitrogen Transfer from *Phaseolus* Bean to Maize measured using ^{15}N -Enrichment and ^{15}N -Isotope." Soil Biology Biochemistry 23: 339–346.
- Hamblin, J., Rowell, J. G., Redden, R., 1976. "Selection for Mixed Cropping." Euphytica 25: 97–106.
- Hamblin, J. und Zimmermann, M.J.O., 1986. "Breeding Common Bean for Yield in Mixtures." Plant Breeding Reviews 4: 245-272.
- Hang, A.N., McCloud, D.E., Boote, K.J., Duncan, W.G., 1984. "Shade Effects on Growth, Partitioning, and Yield Components of Peanuts." Crop Science 24: 109–115.
- Harper, J.L., 1967. "A Darwinian Approach to Plant Ecology." Journal of Ecology 55: 247–270.

- Kassel, 2015. <http://www.uni-kassel.de/fb11agrar/fachgebiete-einrichtungen/gnr/team/prof-dr-michael-wachendorf.html> (abgerufen am 29.04.2015).
- Kipe-Nolt, J.A., Vargas, H., Giller, K. E., 1993. "Nitrogen Fixation in Breeding Lines of *Phaseolus vulgaris* L ." Plant and Soil 152: 103–106.
- Konica Minolta Optics, Inc., 2009. "Chlorophyll Meter SPAD-502Plus – A Lightweight Handheld Meter for Measuring the Chlorophyll Content of Leaves without Causing Damage to Plants."
- KWS, 2015. <http://www.kws.de/aw/KWS/germany/Produkte/~cdjz/Energie/> (abgerufen am 29.04.2015).
- Luick, R., Müller, B., Springorum, J., 2008. "Erneuerbare Energien Im Ländlichen Raum Nachhaltige Ressourcenbewirtschaftung Und Regionalwirtschaftliche Potenziale." Der kritische Agrarbericht.ABL Verlag, Hamm.
- Ministerium für Ländliche Entwicklung Umwelt und Landwirtschaft Land Brandenburg. 2014. "Hinweise zur Umsetzung der GAP-Reform 2015." Ministerium für Ländliche Entwicklung Umwelt und Landwirtschaft Land Brandenburg, 18.12.2014
- Mode, C.J. und Robinson, H.F., 1959. "Pleiotropism and the Genetic Variance and Covariance." Biometrics 15: 518-537.
- Moeser, J., 2013. "Getreide als Biogassubstrat – Anbauvarianten und Züchtungsziele." 4. Symposium Energiepflanzen, 22. Oktober 2013, Berlin
- Morgado, L. B., und Willey, R.W., 2003. "Effects of Plant Population and Nitrogen Fertilizer on Yield and Efficiency." Pesq. agropec. bras., Brasília 38: 1257–1264.
- NABU, 2008. "Wiesen und Weiden weichen Maiswüsten." <https://niedersachsen.nabu.de/natur-und-landschaft/landnutzung/landwirtschaft/gruenland/06671.html> (abgerufen am 30.04.2015).
- O`Leary, N. und Smith, M. E., 1999. "Breeding Corn for Adaptation to Two Diverse Intercropping Companions." American Journal of Alternative Agriculture 14: 158–64.
- Pekrun, C., Hubert, S., Zimmermann, C., Schmidt, W., 2012a: Gemengeanbau von Mais mit Stangenbohnen – erste Ergebnisse aus Feldversuchen 2011. Mitteilungen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften 24, 333-334.
- Pekrun, C., Zimmermann, C., Hubert, S., Darnhof, B., Eder, J., Schmidt, W., 2014. "Was verträgt sich mit Mais?" DLG-Mitteilungen: 70–73.
- Peterson, T.A., Blackmer, T.M., Francis, D.D., Schepers, J.S., 1993 "G93-1171 Using a Chlorophyll Meter to Improve N Management." Historical Materials from University of Nebraska-Lincoln Extension. Paper 1353.

- Pleasant, J.M.T., 2006. "The Science behind the Three Sisters Mound System: An Agronomic Assessment of an Indigenous Agricultural System in the Northeast." in Histories of Maize Multidisciplinary Approaches to the Prehistory, Linguistics, Biogeography, Domestication, and Evolution of Maize, Staller, J.E., Tykot, R.H., Benz, B.F. Burlington (Editors), Academic Press Burlington, Mai 2006, S.: 535.
- Rode, M., 2013. "Naturschutz durch Bioenergie?" Fachtagung, Energie, Ernährung und Gesellschaft. Die Rolle der Biomasse im Kontext einer nachhaltigen Entwicklung. 16.10.2013
- Sachsen, 2004. "Anbau von Gewächshausgemüse - Hinweise zum umweltgerechten Anbau." Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie Sachsen, <https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/13405> (abgerufen am 15.04.2015)
- Schmidt, W., 2012 persönliche Mitteilung, Dr. Walter Schmidt, KWS SAAT AG, 2012
- Schmidt, W., 2013. "Erhöhung der Diversität im Energiepflanzenanbau am Beispiel Mais-Bohnen-Gemenge" 4. Symposium Energiepflanzen, 22. Oktober 2013, Berlin.
- Schütte, R., 2013. "EEG Stellt Kulturlandschaft Auf Den Kopf." <http://www.lwk-niedersachsen.de/download.cfm/file/355,6a9f3abc-cd9d-3922-f8b0ac983633f730~pdf.html> (abgerufen am 29.04.2014).
- SEG, 1990. "Gesetz über die Einspeisung von Strom aus erneuerbaren Energien in das öffentliche Netz." BGBl. I S. 2633.
- Siame, J., Willey, R.W., Morse, S., 1998. "The Response of Maize / *Phaseolus* Intercropping to Applied Nitrogen on Oxisols in Northern Zambia." Field Crops Research 55: 73–81.
- Smith, M.E. und Francis, C.A., 1986. "Breeding for Multiple Cropping Systems" in Multiple Cropping Systems, Francis C.A. (Editor). New York: Macmillillan Publishing Company, 1.11.1986, S: 219-249
- Soto-Guevara, G.J. und Smith, M.E., 1991. "Divergent Selection of Maize for Monocropping and Maize-Bean Intercropping." In Agronomic Abstracts, S.: 66.
- Statistisches Bundesamt. 2015: <https://www.destatis.de/DE/Publikationen/Thematisch/LandForstwirtschaft/ObstGemueseGartenbau/Gemueseerhebung2030313147004.html> (abgerufen am 30.04.2015).
- Stirling, C.M., Williams, J.H., Black, C.R., Ong, C.K., 1990. "The Effect of Timing of Shade on Development. Dry Matter Production and Light-Use Efficiency in Groundnut (*Arachis Hypogaea L.*) under Field Conditions." Australian Journal of Agricultural Research 41: 633–644.

- Stolzenburg, K., 2012, "Biogaserzeugung in kleinen Biogasanlagen." Alternative Energiepflanzen für die Biogasproduktion ALB Tagung, Universität Hohenheim am 08.03.2012
- Tsai, S.M., da Silva, P.M., Cabezas, W.L., Bonetti, R., 1993. "Variability in Nitrogen Fixation of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Intercropped with Maize." *Plant and Soil* 152: 93–101.
- Tsubo, M., und Walker, S., 2004. "Shade Effects on *Phaseolus vulgaris* L. Intercropped with *Zea mays* L. under Well-Watered Conditions." *Journal of Agronomy & Crop Science* 176: 168–176.
- Utz, H. F., 2011. "PLABSTAT, Computerprogramm zur statistischen Analyse von pflanzenzüchterischen Experimenten, Version 3Awin 14. Juni 2011." Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik der Universität Hohenheim.
- Umweltbundesamt. 2015. <http://www.umweltbundesamt.de/themen/boden-landwirtschaft/bodenbelastungen/erosion> (abgerufen am 30.04.2015).
- van Kessel, C., Singleton, P.W., Hoben, H.J., 1985 "Enhanced N-Transfer from a Soybean to Maize by Vesicular Arbuscular Mycorrhizal (VAM) Fungi." *Plant Physiology* 79, 562-563
- Willey, R.W., 1979. "Intercropping - its importance and research needs. Part1 Competition and yield advantages." *Field Crop Abstracts* 32: 1-10.
- Woolley, J.N. und Smith, M.E., 1986. "Maize Plant Types Suitable for Present and Possible Bean Relay Systems in Central America." *Field Crops Research* 15: 3–16.
- Zimmermann, M.J.O., Rosielle, A.A., Waines, J.G., 1984. "Heritabilities of Grain Yield of Common Beans in Sole Crop and Intercrop with Maize." *Crop Science* 24: 641–44.

7. Anhang

Tabelle 38: Fehlgeschlagener Versuch: Göttingen, 2012

Versuchsteil 2012		TME ^a [dt/ha]	TSG ^b [%]	Anzahl [Pflanzen/Parzelle]	koEr ^c [dt/ha]	RekoE ^d [dt/ha]
Flint im Reinanbau	Wiederholbarkeit	25,82	82,56	10,12	33,46	36,01
	Grenzdifferenz	62,98	1,59	28,48	51,13	49,97
	Mittelwert	212,63	32,98	81,57	233,75	234,13
Flint in Mischkultur	Wiederholbarkeit	29,08	60,37	9,68	47,81	47,2
	Grenzdifferenz	55,68	1,91	22,8	31,25	33
	Mittelwert	203,01	31,67	60,63	221,63	217,66
Dent im Reinanbau	Wiederholbarkeit	0	46,68	0	17,06	1,89
	Grenzdifferenz	67,78	5,49	28,09	51,34	60,54
	Mittelwert	205,67	32,27	81,86	225,63	225,66
Dent in Mischkultur	Wiederholbarkeit	9,16	79,34	5,64	35,87	27,56
	Grenzdifferenz	67,83	1,74	21,07	36,18	37,9
	Mittelwert	205,05	30,3	64,4	215,78	215,8

^a TME = Trockenmasseertrag

^b TSG = Trockensubstanzgehalt

^c koEr = korrigierter Ertrag

^d RekoE = Reifekorrigierter Ertrag

Tabelle 39: Varianzanalyse Flinttesthybriden mit Standards im Reinanbau (Einbeck, 2012)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp.c	Varianzursach	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	326,90	-1,69+	Wiederholung	1	7,58	0,0005+
Genotyp(unadj)	99	492,96	225,10**	Genotyp(unadj)	99	8,42	3,27**
Block (adj)	18	282,24	42,73**	Block(adj)	18	4,76	0,56**
Restfehler	80	68,58	68,58	Restfehler	80	1,98	1,98

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursach	F	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	16495,52	137,10**	Wiederholung	1	1299,87	11,73**
Genotyp(unadj)	99	7313,42	3351,00**	Genotyp(unadj)	99	198,49	63,09**
Block(adj)	18	1728,35	211,60**	Block(adj)	18	85,54	8,33*
Restfehler	81	670,25	670,30	Restfehler	80	43,88	43,88

Trockensubstanzgehalt [%]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursach	F	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	9,14	0,042**	Wiederholung	1	65,59	0,53**
Genotyp(unadj)	99	3,63	1,649**	Genotyp(unadj)	99	8,33	1,02+
Block(adj)	18	2,67	0,45**	Block(adj)	18	8,94	0,75+
Restfehler	80	0,42	0,42	Restfehler	81	5,19	5,19

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	3,38	-0,02	Wiederholung	1	416,82	-0,25*
Genotyp(unadj)	99	24,51	5,75**	Genotyp(unadj)	99	522,62	236,6**
Block(adj)	18	9,15	-0,72	Block(adj)	18	253,52	37,64**
Restfehler	81	12,7281	12,73	Restfehler	80	65,33	65,33

Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1213,24	10,81**	Wiederholung	1	188,63	-4,00
Genotyp(unadj)	99	69,09	11,79*	Genotyp(unadj)	99	504,70	227,00**
Block(adj)	18	82,68	9,84**	Block(adj)	18	331,76	51,39**
Restfehler	80	33,4722	33,47	Restfehler	80	74,80	74,79

Blühdatum [Tage nach Aussaat]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	8,82	0,07**
Genotyp(unadj)	99	2,99	1,27**
Block(adj)	18	1,09	0,17**
Restfehler	81	0,26	0,26

^a FG=Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1 ; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 40: Varianzanalyse Flinttesthybriden mit Standards in Mischkultur (Einbeck, 2012)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				Blühdatum [Tage nach Aussaat]			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	216,84	0,79	Wiederholung	1	1,62	0,01*
Genotyp(unadj)	99	656,16	272,38**	Genotyp(unadj)	99	3,05	1,39**
Block (adj)	18	134,50	0,67	Block(adj)	18	0,36	0,021
Restfehler	79	131,17	131,17	Restfehler	81	0,26	0,25

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD1			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	7223,47	59,34**	Wiederholung	1	52,02	0,50**
Genotyp(unadj)	99	7056,72	3247,00**	Genotyp(unadj)	99	9,22	2,45**
Block(adj)	18	1023,58	53,08	Block(adj)	18	3,17	-0,17
Restfehler	79	758,16	758,16	Restfehler	81	4,07	4,06

Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	4,68	0,03+	Wiederholung	1	1352	12,48**
Genotyp(unadj)	99	3,52	1,14**	Genotyp(unadj)	99	158,57	47,40**
Restfehler	96	1,24	1,24	Block(adj)	18	75,33	5,70+
				Restfehler	81	46,81	46,81

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	76,88	0,66*	Wiederholung	1	3,83	-1,70
Genotyp(unadj)	99	17,09	2,72*	Genotyp(unadj)	99	620,12	261,28**
Block(adj)	18	11,20	-0,06	Block(adj)	18	140,35	6,79
Restfehler	81	11,49	11,48	Restfehler	79	106,38	106,38

Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	612,50	5,35**	Wiederholung	1,00	22,59	-2,14
Genotyp(unadj)	99	93,63	23,54**	Genotyp(unadj)	99,0	649,85	262,82**
Block(adj)	18	55,83	4,42+	Block(adj)	18,0	188,51	9,68
Restfehler	81	33,73	33,73	Restfehler	78,0	140,10	140,10

^a FG=Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 41: Varianzanalyse Denttesthybriden mit Standards im Reinanbau (Einbeck, 2012)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,06	-1,1	Wiederholung	1	44,37	0,43**
Genotyp(unadj)	99	453,49	171,73**	Genotyp(unadj)	99	9,21	2,50**
Restfehler	98	110,02	110,02	Block(adj)	18	2,61	-0,19
				Restfehler	81	3,53	3,53
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	7524,22	65,74**	Wiederholung	1	4,50	-0,56
Genotyp(unadj)	99	15948,70	7612,29**	Genotyp(unadj)	99	212,62	78,67**
Block(adj)	18	959,01	-1,76	Block(adj)	18	55,06	1
Restfehler	81	967,81	967,81	Restfehler	81	50,06	50,06
Trockensubstanzgehalt [%]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	18,52	0,17**	Wiederholung	1	5,47	0,03*
Genotyp(unadj)	99	16,79	7,89**	Genotyp(unadj)	99	1,45	-0,00
Block(adj)	18	0,94	0,08	Block(adj)	18	2,05	0,18*
Restfehler	80	0,56	0,56	Restfehler	80	1,15	1,15
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	18,60	0,06	Wiederholung	1	32,11	-1,44
Genotyp(unadj)	99	34,60	10,58**	Genotyp(unadj)	99	515,40	230,55**
Block(adj)	18	13,56	-0,29	Block(adj)	18	138,97	7,57
Restfehler	81	14,99	14,99	Restfehler	80	101,14	101,14
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	99	68,46	10,58*	Wiederholung	1	248,36	0,46
Genotyp(unadj)	18	63,89	5,49	Genotyp(unadj)	99	402,70	164,36**
Restfehler	81	36,42	36,42	Block(adj)	18	156,39	9,05
				Restfehler	80	111,13	111,12
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	0,85	-0,00				
Genotyp(unadj)	99	2,66	1,15**				
Block(adj)	18	0,63	0,05*				
Restfehler	81	0,36	0,36				

^a FG=Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 42: Varianzanalyse Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur (Einbeck, 2012)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				Blühdatum [Tage nach Aussaat]			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	282,20	2,17+	Wiederholung	1	0,18	-0,00
Genotyp(unadj)	99	632,50	262,50**	Genotyp(unadj)	99	2,53	1,18**
Block (adj)	18	82,23	-3,34	Block(adj)	18	0,32	0,03*
Restfehler	81	98,93	98,93	Restfehler	81	0,16	0,16
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD1			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	4028,84	32,49*	Wiederholung	1	9,76	0,08*
Genotyp(unadj)	99	13756,28	6313,05**	Genotyp(unadj)	99	9,51	3,57**
Block(adj)	18	744,68	7,05	Block(adj)	18	2,35	-0,03
Restfehler	81	709,44	709,44	Restfehler	81	2,50	2,50
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,40	0	Wiederholung	1	12,50	-2,56
Genotyp(unadj)	99	6,39	2,49**	Genotyp(unadj)	99	186,72	62,44**
Block(adj)	18	0,70	-0,06	Block(adj)	18	160,28	21,56**
Restfehler	81	0,99	0,99	Restfehler	81	52,50	52,50
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	20,48	0,00	Wiederholung	1	111,04	0,22
Genotyp(unadj)	99	24,61	6,92**	Genotyp(unadj)	99	639,84	285,11*
Block(adj)	18	14,87	1,04+	Block(adj)	18	82,11	1,40
Restfehler	81	9,69	9,69	Restfehler	81	75,10	75,10
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	220,50	0,14*	Wiederholung	1	85,14	-0,08
Genotyp(unadj)	99	56,62	14,09**	Genotyp(unadj)	99	542,44	225,91**
Block(adj)	18	114,94	18,40**	Block(adj)	18	97,11	-0,86
Restfehler	81	22,97	22,97	Restfehler	81	101,39	101,39

^a FG=Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 43: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Reinanbau (Einbeck, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	5,15	-2,76	Wiederholung	1	4,98	0,05
Genotyp(unadj)	48	760,51	360,26**	Genotyp(unadj)	48	7,10	2,29**
Block (adj)	12	130,64	2,84	Block(adj)	12	2,31	0,05
Restfehler	36	120,70	120,70	Restfehler	36	2,12	2,12
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	17,92	0,16*	Wiederholung	1	150,73	2,12**
Genotyp(unadj)	48	60,62	29,98**	Genotyp(unadj)	48	8,27	0,26
Block(adj)	12	6,79	0,94+	Block(adj)	12	24,24	6,46**
Restfehler	36	3,48	3,48	Restfehler	36	1,64	1,64
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	22,80	0,31**	Wiederholung	1	980,61	17,97**
Genotyp(unadj)	48	13,39	5,41**	Genotyp(unadj)	48	363,05	168,76**
Block (adj)	12	4,28	0,89**	Block(adj)	12	68,71	8,96+
Restfehler	36	1,16	1,16	Restfehler	36	37,36	37,36
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,65	-0,41	Wiederholung	1	2425,91	47,07**
Genotyp(unadj)	48	92,53	39,69**	Genotyp(unadj)	48	58,91	10,93*
Block(adj)	12	20,39	0,05	Block(adj)	12	69,98	14,11**
Restfehler	36	20,21	20,21	Restfehler	36	20,58	20,58
Jugendentwicklung [cm]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	294,90	4,3**	Wiederholung	1	12,19	-1,40
Genotyp(unadj)	48	63,01	15,76*	Genotyp(unadj)	48	499,79	215,23**
Block(adj)	12	56,80	7,71+	Block(adj)	12	96,06	-4,42
Restfehler	36	29,82	29,82	Restfehler	36	111,51	111,51
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	18,00	0,36**	Wiederholung	1	193,94	0,36
Genotyp(unadj)	48	8,56	3,88**	Genotyp(unadj)	48	424,65	155,79**
Block(adj)	12	0,93	-0,16	Block(adj)	12	159,48	4,82
Restfehler	36	1,50	1,50	Restfehler	36	142,62	142,62

^a FG=Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 44: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Neckarkönigin“ (Einbeck, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	3,76	-4,72	Wiederholung	1	0,08	-0,05
Genotyp(unadj)	48	531,53	256,65**	Genotyp(unadj)	48	8,19	2,24**
Block (adj)	12	159,87	21,49+	Block(adj)	12	2,24	0,05
Restfehler	35	84,64	84,64	Restfehler	36	2,07	2,07
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,19	-0,19	Wiederholung	1	1,49	-0,34
Genotyp(unadj)	48	54,80	27,88**	Genotyp(unadj)	48	4,18	0,11
Block(adj)	12	5,82	1,01*	Block(adj)	12	9,51	2,43**
Restfehler	36	2,28	2,28	Restfehler	36	1,01	1,01
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1,06	-0,10	Wiederholung	1	3432,65	69,05**
Genotyp(unadj)	48	14,42	5,44**	Genotyp(unadj)	48	297,45	111,22**
Block (adj)	12	3,65	0,65*	Block(adj)	12	73,13	-6,80
Restfehler	35	1,39	1,39	Restfehler	36	96,94	96,94
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	7,44	-0,35	Wiederholung	1	2,83	-3,15
Genotyp(unadj)	48	37,63	13,69**	Genotyp(unadj)	48	449,34	211,73**
Block(adj)	12	15,78	2,48*	Block(adj)	12	123,95	9,55
Restfehler	36	7,10	7,10	Restfehler	35	90,53	90,53
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	123,47	1,42*	Wiederholung	1	0,18	-4,43
Genotyp(unadj)	48	50,13	13,89**	Genotyp(unadj)	48	328,99	127,36**
Block(adj)	12	35,37	5,32*	Block(adj)	12	168,89	13,78
Restfehler	36	16,72	16,72	Restfehler	35	120,66	120,66
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	15,52	0,28**				
Genotyp(unadj)	48	8,88	4,62**				
Block(adj)	12	1,10	0,17*				
Restfehler	36	0,52	0,52				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 45: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Bobis a grano nero“ (Einbeck, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	18,21	-2,28	Wiederholung	1	17,32	0,29**
Genotyp(unadj)	48	539,55	267,58**	Genotyp(unadj)	48	8,53	2,69**
Block (adj)	12	94,13	10,24	Block(adj)	12	2,50	0,15
Restfehler	36	58,28	58,28	Restfehler	36	1,99	1,99
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,45	-0,17	Wiederholung	1	32,96	-0,6+
Genotyp(unadj)	48	54,04	28,18**	Genotyp(unadj)	48	8,35	-0,61
Block(adj)	12	5,50	0,87*	Block(adj)	12	32,49	8,48**
Restfehler	36	2,45	2,45	Restfehler	36	2,80	2,80
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,34	-0,03	Wiederholung	1	2975,51	58,62**
Genotyp(unadj)	48	15,69	7,18**	Genotyp(unadj)	48	406,68	186,96**
Block (adj)	12	1,79	0,07	Block(adj)	12	76,70	7,60
Restfehler	36	1,56	1,56	Restfehler	36	50,11	50,11
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	6,90	-0,06	Wiederholung	1	0,50	-2,30
Genotyp(unadj)	48	29,65	11,11**	Genotyp(unadj)	48	456,70	222,89**
Block(adj)	12	9,47	0,07	Block(adj)	12	81,76	9,00
Restfehler	36	9,24	9,24	Restfehler	36	50,26	50,26
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	493,88	8,67**	Wiederholung	1	0,26	-1,86
Genotyp(unadj)	48	62,50	17,18**	Genotyp(unadj)	48	362,35	154,37**
Block(adj)	12	45,07	6,8*	Block(adj)	12	84,14	2,09
Restfehler	36	21,26	21,26	Restfehler	36	76,84	76,84
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	21,59	0,41**				
Genotyp(unadj)	48	7,02	3,43**				
Block(adj)	12	1,27	0,12				
Restfehler	36	0,87	0,87				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 46: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit Anellino verde (Einbeck, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	111,95	-0,59	Wiederholung	1	0,42	-0,15
Genotyp(unadj)	48	713,35	368,99**	Genotyp(unadj)	48	6,76	1,81**
Block (adj)	12	105,82	10,00	Block(adj)	12	5,10	0,81*
Restfehler	36	70,82	70,82	Restfehler	36	2,26	2,26
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	3,11	-0,04	Wiederholung	1	0,23	-0,47
Genotyp(unadj)	48	63,44	32,37**	Genotyp(unadj)	48	7,19	0,20
Block(adj)	12	4,55	0,17	Block(adj)	12	12,86	2,97**
Restfehler	36	3,97	3,97	Restfehler	36	2,44	2,44
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,00	-0,09	Wiederholung	1	689,80	11,68**
Genotyp(unadj)	48	12,43	4,85**	Genotyp(unadj)	48	313,05	157,71**
Block (adj)	12	2,71	0,47*	Block(adj)	12	79,08	11,00+
Restfehler	36	1,07	1,07	Restfehler	36	40,59	40,59
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,37	0,09	Wiederholung	1	105,60	-1,32
Genotyp(unadj)	48	39,03	13,38**	Genotyp(unadj)	48	509,96	264,69**
Block(adj)	12	3,68	-2,18	Block(adj)	12	109,16	17,48*
Restfehler	36	11,29	11,29	Restfehler	36	47,98	47,98
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	16,33	-3,80	Wiederholung	1	104,53	-2,94
Genotyp(unadj)	48	40,73	11,96*	Genotyp(unadj)	48	390,18	181,63**
Block(adj)	12	112,76	25,62**	Block(adj)	12	154,82	26,81*
Restfehler	36	23,07	23,07	Restfehler	36	60,97	60,97
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	23,51	0,46**				
Genotyp(unadj)	48	6,93	3,41**				
Block(adj)	12	0,89	0,04				
Restfehler	36	0,74	0,74				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 47: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Reinanbau (Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	233,07	-4,62	Wiederholung	1	43,91	0,73**
Genotyp(unadj)	48	737,52	322,98**	Genotyp(unadj)	48	7,79	3,07**
Block (adj)	12	322,76	39,07	Block(adj)	12	4,97	0,88*
Restfehler	35	186,04	186,04	Restfehler	36	1,88	1,88
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1,04	-0,69	Wiederholung	1	2362,20	33,42**
Genotyp(unadj)	48	105,20	45,64**	Genotyp(unadj)	48	89,53	1,48
Block(adj)	12	27,67	2,12	Block(adj)	12	364,88	102,73**
Restfehler	36	20,26	20,26	Restfehler	36	5,31	5,31
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1,42	0,00	Wiederholung	1	47,43	-4,40
Genotyp(unadj)	48	17,33	7,9**	Genotyp(unadj)	48	490,94	205,27**
Restfehler	47	1,53	1,53	Block(adj)	12	161,83	28,87*
				Restfehler	33	60,78	60,78
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	2,30	-0,12	Wiederholung	1	1971,54	38,05**
Genotyp(unadj)	48	151,06	60,52**	Genotyp(unadj)	48	43,77	5,64
Block(adj)	12	18,83	-3,04	Block(adj)	12	63,61	12,47**
Restfehler	36	29,48	29,48	Restfehler	36	19,97	19,97
Jugendentwicklung [cm]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	858,16	16,38**	Wiederholung	1	247,64	-6,79
Genotyp(unadj)	48	45,66	5,39+	Genotyp(unadj)	48	559,64	248,84**
Block(adj)	12	35,54	5,67*	Block(adj)	12	369,02	60,41*
Restfehler	36	15,70	15,70	Restfehler	35	157,57	157,57
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	66,95	1,27**	Wiederholung	1	328,19	-5,24
Genotyp(unadj)	48	8,50	4,07**	Genotyp(unadj)	48	658,55	277,18**
Block(adj)	12	2,89	0,56**	Block(adj)	12	380,66	58,31*
Restfehler	36	0,91	0,91	Restfehler	35	176,57	176,57

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 48: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Neckarkönigin“ (Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	825,90	16,24*	Wiederholung	1	24,50	0,4**
Genotyp(unadj)	48	823,91	313,09**	Genotyp(unadj)	48	5,16	1,13+
Block (adj)	12	117,02	-24,87	Block(adj)	12	4,03	0,32
Restfehler	36	204,06	204,06	Restfehler	36	2,92	2,92
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	50,87	0,70+	Wiederholung	1	21,10	0,24**
Genotyp(unadj)	48	159,25	70,15**	Genotyp(unadj)	48	2,06	-0,44
Block(adj)	12	15,56	0,32	Block(adj)	12	5,53	1,04**
Restfehler	36	14,45	14,45	Restfehler	36	1,88	1,88
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,11	-0,02	Wiederholung	1	51,44	-1,28
Genotyp(unadj)	48	20,00	8,46**	Genotyp(unadj)	48	439,72	139,68**
Block (adj)	12	1,20	-0,03	Block(adj)	12	115,96	-0,58
Restfehler	36	1,31	1,31	Restfehler	36	117,99	117,99
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	312,50	5,59**	Wiederholung	1	24,79	1,24
Genotyp(unadj)	48	153,77	67,87**	Genotyp(unadj)	48	414,62	105,37*
Block(adj)	12	31,86	1,96	Block(adj)	12	69,49	-30,12
Restfehler	36	24,99	24,99	Restfehler	36	174,92	174,92
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	980,61	14,46**	Wiederholung	1	31,99	1,84
Genotyp(unadj)	48	74,06	21,26**	Genotyp(unadj)	48	298,40	46,01
Block(adj)	12	143,71	36,73**	Block(adj)	12	66,43	-35,55
Restfehler	36	15,14	15,14	Restfehler	36	190,85	190,85
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	30,87	0,55**				
Genotyp(unadj)	48	7,54	3,67**				
Block(adj)	12	2,37	0,48**				
Restfehler	36	0,67	0,67				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1;; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 49: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit „Bobis a grano nero“ (Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	115,59	-5,66	Wiederholung	1	6,85	0,00
Genotyp(unadj)	48	908,21	436,16**	Genotyp(unadj)	48	8,01	2,32**
Block (adj)	12	249,08	41,08*	Block(adj)	12	5,04	0,53
Restfehler	36	105,31	105,31	Restfehler	36	3,20	3,20
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	5,69	-0,38	Wiederholung	1	36,26	-0,47*
Genotyp(unadj)	48	160,91	76,84**	Genotyp(unadj)	48	9,14	0,30
Block(adj)	12	16,50	2,19+	Block(adj)	12	30,20	8,30**
Restfehler	36	8,83	8,83	Restfehler	36	1,17	1,17
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,35	-0,01	Wiederholung	1	25,51	-4,82
Genotyp(unadj)	48	21,56	9,58**	Genotyp(unadj)	48	527,93	193,93**
Block (adj)	12	1,34	-0,08	Block(adj)	12	151,70	31,41**
Restfehler	36	1,63	1,63	Restfehler	36	41,78	41,78
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	8,58	-0,71	Wiederholung	1	36,76	-2,62
Genotyp(unadj)	48	186,46	68,75**	Genotyp(unadj)	48	510,75	173,89**
Block(adj)	12	54,50	-3,13	Block(adj)	12	156,39	2,50
Restfehler	36	65,44	65,44	Restfehler	36	147,63	147,63
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	493,88	5,44**	Wiederholung	1	53,47	-2,34
Genotyp(unadj)	48	88,35	11,56*	Genotyp(unadj)	48	468,76	157,06**
Block(adj)	12	127,21	28,57**	Block(adj)	12	162,47	1,63
Restfehler	36	27,21	27,21	Restfehler	36	156,78	156,78
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	22,54	0,36**				
Genotyp(unadj)	48	6,13	3,05**				
Block(adj)	12	2,67	0,58**				
Restfehler	36	0,64	0,64				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 50: Varianzanalyse Flint- und Denttesthybriden mit Standards in Mischkultur mit Anellino verde (Göttingen, 2013)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1314,85	18,84+	Wiederholung	1	51,19	0,97**
Genotyp(unadj)	48	959,24	283,86**	Genotyp(unadj)	48	6,62	1,49*
Restfehler	45	391,52	391,52	Restfehler	45	3,64	3,64
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	116,46	1,87*	Wiederholung	1	25,32	0,33+
Genotyp(unadj)	48	166,14	70,73**	Genotyp(unadj)	48	9,66	0,26
Restfehler	45	24,68	24,68	Restfehler	45	9,15	9,15
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,00	-0,07	Wiederholung	1	1330,63	24,62**
Genotyp(unadj)	48	17,04	6,80**	Genotyp(unadj)	48	645,52	260,72**
Restfehler	45	3,44	3,44	Restfehler	45	124,08	124,08
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	145,24	0,73	Wiederholung	1	363,70	1,46
Genotyp(unadj)	48	249,69	70,13**	Genotyp(unadj)	48	790,37	249,04**
Restfehler	45	109,44	109,44	Restfehler	45	292,30	292,30
Jugendentwicklung [cm]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	166,73	2,61*	Wiederholung	1	360,98	-0,34
Genotyp(unadj)	48	60,75	11,00+	Genotyp(unadj)	48	730,56	176,37*
Restfehler	45	38,74	38,74	Restfehler	45	377,82	377,82
Blühdatum [Tage nach Aussaat]							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	0,05	-0,02				
Genotyp(unadj)	48	5,62	2,41**				
Restfehler	45	0,80	0,80				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 51: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Mischkultur (Einbeck, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD1			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	624,33	1,79	Wiederholung	1	2,54	0,03
Genotyp(unadj)	48	2202,32	999,46**	Genotyp(unadj)	48	8,51	2,90**
Block(adj)	12	422,31	32,62	Block(adj)	12	1,65	-0,15
Restfehler	36	308,15	308,15	Restfehler	36	2,16	2,16
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD2			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	28,56	-0,23	Wiederholung	1	100,13	0,11
Genotyp(unadj)	48	358,71	171,04**	Genotyp(unadj)	48	42,27	4,60
Block(adj)	12	28,12	3,34	Block(adj)	12	66,73	8,05
Restfehler	36	16,41	16,41	Restfehler	36	38,57	38,57
Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,05	-0,25	Wiederholung	1	200,00	2,72+
Genotyp(unadj)	48	19,87	8,29**	Genotyp(unadj)	48	603,10	267,35**
Block(adj)	12	7,99	1,29*	Block(adj)	12	65,48	0,34
Restfehler	36	3,48	3,48	Restfehler	36	64,29	64,29
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Kolbenhöhe [m]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	6,38	-0,02	Wiederholung	1	0,01	0,00
Genotyp(unadj)	48	10,41	3,00*	Genotyp(unadj)	48	0,05	0,01+
Block(adj)	12	6,14	0,37	Block(adj)	12	0,02	0,00
Restfehler	36	4,85	4,85	Restfehler	36	0,03	0,03
Jugendentwicklung [m]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,0039	0,0002	Wiederholung	1	811,20	8,74
Genotyp(unadj)	48	0,0129	0,0045**	Genotyp(unadj)	48	2060,44	933,36**
Block(adj)	12	0,0087	0,0020**	Block(adj)	12	344,69	10,86
Restfehler	36	0,0015	0,0015	Restfehler	36	306,69	306,69
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,65	-0,03	Wiederholung	1	841,17	4,24
Genotyp(unadj)	48	4,84	1,74**	Genotyp(unadj)	48	1747,49	756,81**
Block(adj)	12	1,27	0,20*	Block(adj)	12	512,36	34,61
Restfehler	36	0,56	0,56	Restfehler	36	391,21	391,21

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 52: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Einbeck, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD2			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	2,72	-6,46	Wiederholung	1	54,18	0,59*
Genotyp(unadj)	48	1403,58	611,18**	Genotyp(unadj)	48	51,18	18,75**
Block(adj)	12	309,76	2,70	Block(adj)	12	18,39	1,92
Restfehler	36	300,31	300,31	Restfehler	36	11,68	11,68
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	3,20	-0,21	Wiederholung	1	102,04	0,40
Genotyp(unadj)	48	286,98	137,50**	Genotyp(unadj)	48	622,87	246,2**
Block(adj)	12	13,42	0,00	Block(adj)	12	100,85	-5,22
Restfehler	36	13,42	13,42	Restfehler	36	119,10	119,10
Trockensubstanzgehalt [%]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	3,36	0,02	Wiederholung	1	31,41	-1,05
Genotyp(unadj)	48	22,23	8,75**	Genotyp(unadj)	48	25,72	-3,57
Block(adj)	12	3,07	-0,25	Block(adj)	12	58,00	7,14+
Restfehler	36	3,94	3,94	Restfehler	36	33,02	33,02
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Kolbenhöhe [m]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,37	-0,21	Wiederholung	1	0,00	0,00
Genotyp(unadj)	48	48,57	20,13**	Genotyp(unadj)	48	0,08	0,04**
Block(adj)	12	9,86	0,26	Block(adj)	12	0,01	0,00
Restfehler	36	8,95	8,95	Restfehler	36	0,01	0,01
Jugendentwicklung [m]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,0064	-0,0002	Wiederholung	1	2,51	-7,16
Genotyp(unadj)	48	0,0118	0,0034**	Genotyp(unadj)	48	1186,02	516,13**
Block(adj)	12	0,0090	0,0019**	Block(adj)	12	292,86	17,27
Restfehler	36	0,0022	0,0022	Restfehler	36	232,42	232,42
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Genotyp(unadj)	48	5,14	1,94**	Wiederholung	1	32,24	-8,84
Block(adj)	12	0,81	0,12*	Genotyp(unadj)	48	1044,55	386,95**
Restfehler	36	0,40	0,40	Block(adj)	12	406,56	16,85
				Restfehler	36	347,59	347,59
SPAD1							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	20,34	0,31*				
Genotyp(unadj)	48	11,39	3,58**				
Block(adj)	12	4,35	0,20				
Restfehler	36	3,66	3,66				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 53: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Einbeck, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD2			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	352,38	-5,02	Wiederholung	1	52,22	1,08*
Genotyp(unadj)	48	1798,09	863,91**	Genotyp(unadj)	48	32,32	12,18**
Block(adj)	12	453,92	41,32	Block(adj)	12	4,88	-1,60
Restfehler	35	309,30	309,30	Restfehler	36	10,49	10,49
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	37,06	0,02	Wiederholung	1	16,33	-4,37
Genotyp(unadj)	48	316,41	159,36**	Genotyp(unadj)	48	632,10	291,44**
Block(adj)	12	24,12	3,48+	Block(adj)	12	147,28	23,7*
Restfehler	36	11,94	11,94	Restfehler	36	64,34	64,34
Trockensubstanzgehalt [%]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1,71	-0,04	Wiederholung	1	806,28	12,67**
Genotyp(unadj)	48	17,74	6,98**	Genotyp(unadj)	48	56,70	12,65**
Restfehler	47	3,78	3,78	Block(adj)	12	107,44	22,29**
				Restfehler	36	29,44	29,44
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Kolbenhöhe [m]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,09	-0,20	Wiederholung	1	0,0089	0,0002
Genotyp(unadj)	48	25,58	10,14**	Genotyp(unadj)	48	0,0641	0,03**
Block(adj)	12	7,56	0,63	Block(adj)	12	0,0044	-0,0009
Restfehler	36	5,35	5,35	Restfehler	36	0,0077	0,0077
Jugendentwicklung [m]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,0008	-0,0002	Wiederholung	1	340,05	-6,41
Genotyp(unadj)	48	0,0101	0,0041**	Genotyp(unadj)	48	1672,06	804,52**
Block(adj)	12	0,0063	0,0014**	Block(adj)	12	479,37	49,98
Restfehler	36	0,0014	0,0014	Restfehler	35	304,46	304,46
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Wiederholung	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Genotyp(unadj)	1	0,04	-0,04	Wiederholung	1	242,17	-9,56
Block(adj)	48	5,31	2,04**	Genotyp(unadj)	48	1455,69	616,07**
Restfehler	12	1,22	0,23**	Block(adj)	12	581,78	36,82
Wiederholung	36	0,40	0,40	Restfehler	35	452,90	452,90
SPAD1							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	16,36	0,28**				
Genotyp(unadj)	48	8,99	3,00**				
Block(adj)	12	2,23	0,08				
Restfehler	36	1,95	1,95				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 54: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Mischkultur (Göttingen, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				Blühdatum [Tage nach Aussaat]			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	505,17	-2,16+	Wiederholung	1	0,16	-0,01
Genotyp(unadj)	48	865,60	425,55**	Genotyp(unadj)	48	3,64	1,71**
Block(adj)	12	359,79	71,82**	Block(adj)	12	0,53	0,04
Restfehler	36	108,41	108,41	Restfehler	36	0,40	0,40

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				SPAD1			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	29,84	-0,09	Wiederholung	1	0,00	-0,02
Genotyp(unadj)	48	150,23	65,69**	Genotyp(unadj)	48	7,13	2,67**
Block(adj)	12	26,18	2,27	Block(adj)	12	1,63	-0,15
Restfehler	36	18,23	18,23	Restfehler	36	2,16	2,16

Trockensubstanzgehalt [%]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,89	-0,12	Wiederholung	1	65,31	1,42
Genotyp(unadj)	48	9,18	3,15**	Genotyp(unadj)	48	658,55	282,26**
Block(adj)	12	4,47	0,69*	Block(adj)	12	41,50	-13,04
Restfehler	36	2,06	2,06	Restfehler	36	87,13	87,13

Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	5,40	-0,08	Wiederholung	1	673,68	4,07*
Genotyp(unadj)	48	8,76	1,71	Genotyp(unadj)	48	837,10	399,67**
Block(adj)	12	8,05	0,42	Block(adj)	12	293,33	51,62*
Restfehler	36	6,57	6,57	Restfehler	36	112,64	112,64

Jugendentwicklung [m]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,0253	0,0003**	Wiederholung	1	763,27	3,00*
Genotyp(unadj)	48	0,0058	0,0015**	Genotyp(unadj)	48	805,20	387,25**
Block(adj)	12	0,0057	0,0010*	Block(adj)	12	366,91	71,23**
Restfehler	36	0,0022	0,0022	Restfehler	36	117,60	117,60

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 55: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Göttingen, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD2			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	40,45	-4,03	Wiederholung	1	0,26	-0,01
Genotyp(unadj)	48	446,18	197**	Genotyp(unadj)	48	27,08	10,51**
Block(adj)	12	181,10	16,22	Block(adj)	12	2,68	-0,57
Restfehler	36	124,34	124,34	Restfehler	36	4,66	4,66
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	4,28	-0,25	Wiederholung	1	229,59	1,13+
Genotyp(unadj)	48	157,58	73,58**	Genotyp(unadj)	48	681,08	291,04**
Block(adj)	12	13,64	0,87	Block(adj)	12	121,26	15,08+
Restfehler	36	10,60	10,60	Restfehler	36	68,48	68,48
Trockensubstanzgehalt [%]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	4,57	0,06*	Wiederholung	1	57,80	-5,39
Genotyp(unadj)	48	13,86	5,91**	Genotyp(unadj)	48	169,18	5,58
Block(adj)	12	1,34	0,13	Block(adj)	12	239,62	23,54
Restfehler	36	0,87	0,87	Restfehler	36	157,24	157,24
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Kolbenhöhe [m]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	45,81	0,38+	Wiederholung	1	0,0089	-0,0003
Genotyp(unadj)	48	13,28	-0,87	Genotyp(unadj)	48	0,0747	0,033**
Block(adj)	12	20,53	1,93	Block(adj)	12	0,0158	0,002+
Restfehler	36	13,79	13,79	Restfehler	36	0,0090	0,009
Jugendentwicklung [m]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,0089	0,00+	Wiederholung	1	7,69	-5,81
Genotyp(unadj)	48	0,0061	0,002**	Genotyp(unadj)	48	399,98	189,78**
Block(adj)	12	0,0058	0,0013**	Block(adj)	12	196,36	27,47+
Restfehler	36	0,0013	0,0013	Restfehler	36	100,20	100,20
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,04	-0,01	Wiederholung	1	0,97	-6,36
Genotyp(unadj)	48	34,33	17,28**	Genotyp(unadj)	48	322,26	144,39**
Block(adj)	12	0,42	0,01	Block(adj)	12	212,37	28,57+
Restfehler	36	0,39	0,39	Restfehler	36	112,36	112,36
SPAD1							
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.				
Wiederholung	1	7,96	0,09				
Genotyp(unadj)	48	7,01	0,93				
Block(adj)	12	4,09	-0,10				
Restfehler	36	4,45	4,45				

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 56: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Göttingen, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				SPAD2			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	83,87	-2,82	Wiederholung	1	8,56	-0,04
Genotyp(unadj)	48	586,34	182,26**	Genotyp(unadj)	48	22,24	6,95**
Restfehler	47	221,82	221,82	Block(adj)	12	9,92	0,12
				Restfehler	36	9,51	9,51
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Höhe [cm]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	26,81	-0,09	Wiederholung	1	4,08	-0,85
Genotyp(unadj)	48	148,19	65,90**	Genotyp(unadj)	48	662,16	295,75**
Block(adj)	12	28,04	0,91	Block(adj)	12	38,61	2,04
Restfehler	36	24,86	24,86	Restfehler	36	31,46	31,46
Trockensubstanzgehalt [%]				SunScan [%]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	5,97	0,05*	Wiederholung	1	783,28	10,19**
Genotyp(unadj)	48	11,73	5,10**	Genotyp(unadj)	48	80,07	2,97
Block(adj)	12	2,32	0,41*	Block(adj)	12	154,77	36,89**
Restfehler	36	0,89	0,89	Restfehler	36	25,65	25,65
Anzahl [Pflanzen/Parzelle]				Kolbenhöhe [m]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,37	-0,51	Wiederholung	1	0,039	0,0003*
Genotyp(unadj)	48	16,15	1,79	Genotyp(unadj)	48	0,063	0,031**
Block(adj)	12	17,95	2,13	Block(adj)	12	0,013	0,003**
Restfehler	36	10,48	10,48	Restfehler	36	0,004	0,004
Jugendentwicklung [m]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	0,0046	-0,0001	Wiederholung	1	65,88	-2,62
Genotyp(unadj)	48	0,0044	0,0019**	Genotyp(unadj)	48	574,97	190,34**
Block(adj)	12	0,0060	0,0015**	Restfehler	47	194,30	194,30
Restfehler	36	0,0008	0,0008				
Blühdatum [Tage nach Aussaat]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1,47	0,02	Wiederholung	1	142,14	-1,64
Genotyp(unadj)	48	3,57	1,44**	Genotyp(unadj)	48	559,03	168,18**
Block(adj)	12	0,70	-0,01	Restfehler	47	222,67	222,67
Restfehler	36	0,73	0,73				
SPAD1				^a FG = Freiheitsgrade			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	^b MQ = Varianz			
Wiederholung	1	111,28	2,03**	^c Var.Komp. = Varianzkomponente			
Genotyp(unadj)	48	10,15	3,36**	F-Test Signifikanzniveau: * p = 0,05, ** p = 0,01			
Block(adj)	12	7,70	1,20*				
Restfehler	36	3,52	3,52				

Tabelle 57: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Mischkultur (Eutingen, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				Anzahl [Pflanzen/Parzelle]			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	21735,13	381,73**	Wiederholung	1	1,94	-0,08
Genotyp(unadj)	48	2079,30	389,41*	Genotyp(unadj)	48	6,95	1,53+
Block(adj)	12	1957,51	306,59*	Block(adj)	12	4,88	0,29
Restfehler	35	884,45	884,45	Restfehler	32	3,87	3,87

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	1003,58	16,95**	Wiederholung	1	22218,15	388,81**
Genotyp(unadj)	48	228,71	54,6**	Genotyp(unadj)	48	2004,84	279,13
Block(adj)	12	124,18	13,97	Block(adj)	12	2101,48	304,23+
Restfehler	36	75,29	75,29	Restfehler	31	1036,68	1036,68

Trockensubstanzgehalt [%]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	32,16	0,66*	Wiederholung	1	25137,75	441,03**
Genotyp(unadj)	48	24,18	7,59**	Genotyp(unadj)	48	1878,54	263,04
Block(adj)	12	3,95	-1,22	Block(adj)	12	2261,21	361,77*
Restfehler	36	8,22	8,22	Restfehler	31	995,02	995,02

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 58: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Eutingen, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				Anzahl [Pflanzen/Parzelle]			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	65,40	-9,39	Wiederholung	1	77,23	0,63
Genotyp(unadj)	48	888,41	270,54**	Genotyp(unadj)	48	42,95	7,24
Block(adj)	12	402,28	35,16	Block(adj)	12	36,51	2,87
Restfehler	35	279,23	279,23	Restfehler	36	26,45	26,45

Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	14,10	-0,33	Wiederholung	1	32,03	-6,72
Genotyp(unadj)	48	108,30	32,67**	Genotyp(unadj)	48	877,67	242,39**
Block(adj)	12	30,65	-0,14	Block(adj)	12	313,69	13,58
Restfehler	36	31,13	31,13	Restfehler	35	266,17	266,17

Trockensubstanzgehalt [%]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	3,28	0,03	Wiederholung	1	20,82	-7,89
Genotyp(unadj)	48	9,93	2,87**	Genotyp(unadj)	48	776,45	214,22**
Block(adj)	12	2,06	-0,10	Block(adj)	12	333,53	21,16
Restfehler	36	2,42	2,42	Restfehler	35	259,49	259,49

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 59: Varianzanalyse Experimentalhybriden mit Standards in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Eutingen, 2014)

Trockenmasseertrag [dt/ha]				Anzahl [Pflanzen/Parzelle]			
Varianzursache	FG ^a	MQ ^b	Var.Komp. ^c	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	2624,73	48,98**	Wiederholung	1	0,04	-0,78
Genotyp(unadj)	48	908,11	341,65**	Genotyp(unadj)	48	157,40	73,46**
Restfehler	47	224,81	224,81	Block(adj)	12	29,89	2,42
				Restfehler	36	21,43	21,43
Frischmasseertrag [kg/Parzelle]				Korrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	60,15	0,86+	Wiederholung	1	2812,67	45,89**
Genotyp(unadj)	48	160,06	69,71**	Genotyp(unadj)	48	552,12	159,67*
Block(adj)	12	18,52	-0,21	Block(adj)	12	421,19	40,89
Restfehler	36	19,27	19,27	Restfehler	35	278,07	278,07
Trockensubstanzgehalt [%]				Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]			
Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.	Varianzursache	FG	MQ	Var.Komp.
Wiederholung	1	46,12	0,69*	Wiederholung	1	3759,78	63,02**
Genotyp(unadj)	48	23,23	5,28*	Genotyp(unadj)	48	493,34	114,00+
Block(adj)	12	11,44	0,21	Block(adj)	12	488,03	52,52
Restfehler	36	10,69	10,69	Restfehler	35	304,23	304,23

^a FG = Freiheitsgrade

^b MQ = Varianz

^c Var.Komp. = Varianzkomponente

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 60: Varianzanalyse Experimentalhybriden in Mischkultur (Einbeck, Göttingen, Eutingen, 2014)

Trockenmasseertrag^a [dt/ha]					SPAD1^b				
Ursache	FG ^d	MQ ^e	Var.Komp. ^f	GD ^g	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S ^h	2	49162,45	1081,64**	9,26	S	1	100,21	2,2**	0,47
G ⁱ	44	1522,26	344,5**	35,87	G	44	5,73	2,25**	2,23
GS	88	488,76	245,11**	43,76	GS	44	1,22	0,20	2,85
Restfehler	107	243,65	243,65		Restfehler	72	1,02	1,02	
Heritabilität	67,89				Heritabilität	78,69			
Frischmasseertrag^a [dt/ha]					SPAD2^c				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	
S	2	3390,23	74,31**	2,85	Wiederholung	1	100,13	0,11	
G	44	275,11	76,24**	11,05	Genotyp(unadj)	48	42,27	4,60	
GS	88	46,38	26,31**	12,56	Block(adj)	12	66,73	8,05	
Restfehler	108	20,07	20,07		Restfehler	36	38,57	38,57	
Heritabilität	83,14								
Trockensubstanzgehalt^a [%]					Höhe^b [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	254,17	5,54**	0,93	S	1	11222,05	248,56**	2,57
G	44	16,35	3,81**	3,60	G	44	509,06	236,19**	12,21
GS	88	4,93	2,68**	4,20	GS	44	36,68	1,64	16,69
Restfehler	108	2,24	2,24		Restfehler	72	35,04	35,04	
Heritabilität	69,87				Heritabilität	92,79			
Anzahl^a [Pflanzen/Parzelle]					Kolbenhöhe^c [m]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	
S	2	63,61	1,34**	0,77	Wiederholung	1	0,01	0,00	
G	44	7,14	1,26**	2,98	Genotyp(unadj)	48	0,05+	0,01	
GS	88	3,36	0,69	4,59	Block(adj)	12	0,02	0,00	
Restfehler	104	2,68	2,68		Restfehler	36	0,03	0,03	
Heritabilität	52,93								
Jugendentwicklung^b [m]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	2,36	0,05**	0,02	S	2	44154,17	971,07**	8,95
G	44	0,01	0,003**	0,07	G	44	1406,62	316,87**	34,65
GS	44	0,00	0,00	0,10	GS	88	456,03	187,14**	45,99
Restfehler	72	0,00	0,00		Restfehler	103	268,89	268,89	
Heritabilität	79,35				Heritabilität	67,58			
Blühdatum^b [Tage nach Aussaat]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	17,16	0,37**	0,26	S	2	45118,47	992,38**	9,00
G	44	3,14	1,39**	1,22	G	44	1148,76	229,11**	34,85
GS	44	0,37	0,11+	1,44	GS	88	461,42	180,36**	47,02
Restfehler	72	0,26	0,26		Restfehler	103	281,06	281,06	
Heritabilität	88,27				Heritabilität	59,83			

^a Merkmal über Einbeck, Göttingen, Eutingen verrechnet

^b Merkmal über Einbeck, Göttingen verrechnet

^c Merkmal über Göttingen verrechnet

^d FG = Freiheitsgrade

^e MQ = Varianz

^f Var.Komp. = Varianzkomponente

^g GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^h S = Standort

ⁱ G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 61: Varianzanalyse Experimentalhybriden in Reinanbau (7,5 Maispflanzen/m², Einbeck, Göttingen, Eutingen, 2014)

Trockenmasseertrag^a [dt/ha]					SPAD2^b				
Ursache	FG ^c	MQ ^d	Var.Komp. ^e	GD ^f	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S ^g	2	47769,93	1056,48**	6,33	S	1	520,56	11,34**	1,37
G ^h	44	868,78	213,45**	24,52	G	44	28,37	8,99**	6,5
GS	88	228,41	105,52**	31,08	GS	44	10,39	6,18**	5,79
Restfehler	107	122,89	122,89		Restfehler	72	4,21	4,21	
Heritabilität	73,71				Heritabilität	63,39			
Frischmasseertrag^a [dt/ha]					Höhe^b [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	2044,80	44,82**	2,22	S	1	6873,48	151,7**	2,91
G	44	233,51	68,47**	8,6	G	44	513,22	233,16**	13,8
GS	88	28,10	18,82**	8,54	GS	44	46,90	-0,73	19,46
Restfehler	108	9,28	9,28		Restfehler	72	47,63	47,63	
Heritabilität	87,97				Heritabilität	90,86			
Trockensubstanzgehalt^a [%]					SunScan^b [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	222,86	4,89**	0,71	S	1	61,09	0,28	2,96
G	44	17,80	4,97**	2,76	G	44	55,23	3,30	14,05
GS	88	2,90	1,74**	3,02	GS	44	48,63	-3,21	20,3
Restfehler	108	1,16	1,16		Restfehler	72	51,85	51,85	
Heritabilität	83,7				Heritabilität	11,94			
Anzahl^a [Pflanzen/Parzelle]					Kolbenhöhe^b [m]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	230,34	4,84**	1,48	S	1	0,339	0,007**	0,03
G	44	21,37	2,95*	5,74	G	44	0,050	0,023**	0,14
GS	88	12,51	3,78*	8,28	GS	44	0,005	0,000	0,18
Restfehler	108	8,72	8,72		Restfehler	72	0,004	0,004	
Heritabilität	41,46				Heritabilität	91,01			
Jugendentwicklung^b [m]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	1,52	0,03**	0,01	S	2	39957,94	883,64**	5,84
G	44	0,01	0,0007**	0,06	G	44	794,44	200,15**	22,6
GS	44	0,00	0,00	0,10	GS	88	193,99	88,52**	28,79
Restfehler	72	0,00	0,00		Restfehler	107	105,47	105,47	
Heritabilität	85,56				Heritabilität	75,58			
Blühdatum^b [Tage nach Aussaat]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	60,321	0,126**	0,26	S	2	40586,38	897,97**	5,59
G	44	36,184	16,17**	1,25	G	44	611,96	144,68**	21,64
GS	44	0,3837	0,18*	1,28	GS	88	177,92	51,35*	31,54
Restfehler	72	0,2073	0,2		Restfehler	107	126,57	126,57	
Heritabilität	89,4				Heritabilität	70,93			
SPAD1^b					^a Merkmal über Einbeck, Göttingen, Eutingen verrechnet ^b Merkmal über Einbeck, Göttingen verrechnet ^c FG = Freiheitsgrade ^d MQ = Varianz ^e Var.Komp. = Varianzkomponente ^f GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05 ^g S = Standort ^h G = Genotyp F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD					
S	1	82,64	1,79**	0,62					
G	44	6,65	2,6**	2,95					
GS	44	2,14	0,10	4,03					
Restfehler	72	2,05	2,05						
Heritabilität	67,78								

Tabelle 62: MQAnalyse Experimentalhybriden in Reinanbau (10 Maispflanzen/m², Einbeck, Göttingen, Eutingen, 2014)

Trockenmasseertrag^a [dt/ha]					SPAD^{2b}				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	7552,28	1672,22**	7,29	S	1	174,25	3,67**	1,28
G	44	1100,94	266,15**	28,22	G	44	16,33	3,61*	6,09
GS	88	302,50	172,45**	31,91	GS	44	9,12	4,45**	6,09
Restfehler	129	130,06	130,06		Restfehler	72	4,67	4,67	
Heritabilität	72,52				Heritabilität	44,17			
Frischmasseertrag^a [dt/ha]					Höhe^b [cm]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	2633,99	57,80**	2,4	S	1	13338,57	295,75	2,32
G	44	267,51	78,2**	9,31	G	44	529,03	249,63	10,99
GS	88	32,91	23,25**	8,72	GS	44	29,76	3,15	14,54
Restfehler	108	9,67	9,67		Restfehler	72	26,60	26,60	
Heritabilität	87,7				Heritabilität	94,38			
Trockensubstanzgehalt^a [%]					SunScan^b [%]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	405,82	8,93**	0,83	S	1	301,84	6,33	1,74
G	44	18,70	4,94**	3,2	G	44	27,81	5,48+	8,27
GS	88	3,89	1,27*	4,53	GS	44	16,86	0,40	11,44
Restfehler	119	2,62	2,62		Restfehler	72	16,46	16,46	
Heritabilität	79,19				Heritabilität	39,38			
Anzahl^a [Pflanzen/Parzelle]					Kolbenhöhe^b [m]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	2	606,66	12,94**	2,06	Ursache	1	0,474	0,010	0,03
G	44	55,14	10,3**	7,99	S	44	0,041	0,018	0,14
GS	88	24,25	17,54**	7,27	G	44	0,005	0,002+	0,16
Restfehler	108	6,72	6,72		GS	72	0,003	0,003	
Heritabilität	56,02				Restfehler	88,6			
Jugendentwicklung^b [m]					Korrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	2,058	0,0457**	0,01	S	2	69309,28	1534,05	6,97
G	44	0,006	0,0023**	0,07	G	44	844,90	189,35	27
GS	44	0,001	0,0005**	0,07	GS	88	276,84	138,78**	32,91
Restfehler	72	0,001	0,001		Restfehler	117	138,06	138,06	
Heritabilität	80,6				Heritabilität	67,23			
Blühdatum^b [Tage nach Aussaat]					Reifekorrigierter Ertrag [dt/ha]				
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD	Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD
S	1	9,91	0,21**	0,29	S	2	69963,51	1548,79**	6,86
G	44	3,17	1,34**	1,4	G	44	637,47	123,14**	26,57
GS	44	0,48	0,18*	1,53	GS	88	268,07	95,83*	36,76
Restfehler	72	0,30	0,30		Restfehler	117	172,24	172,24	
Heritabilität	84,85				Heritabilität	57,95			
SPAD^{1b}									
Ursache	FG	MQ	Var.Komp.	GD					
S	1	2,57	0,02	0,52					
G	44	7,73	3,10**	2,48					
GS	44	1,52	0,02	3,45					
Restfehler	72	1,49	1,49						
Heritabilität	80,36								

^a Merkmal über Einbeck, Göttingen, Eutingen verrechnet

^b Merkmal über Einbeck, Göttingen verrechnet

^c FG = Freiheitsgrade

^d MQ = Varianz

^e Var.Komp. = Varianzkomponente

^f GD = Grenzdifferenz, Tukey-Test, p = 0,05

^g S = Standort

^h G = Genotyp

F-Test Signifikanzniveau: + p = 0,1; * p = 0,05; ** p = 0,01

Tabelle 63: Original Prüfgliedbezeichnung (OPG) 2012 + Prüfgliedbezeichnung in dieser Dissertation

Versuchsteil im Original Feldbuch 151 und 152		Versuchsteil im Original Feldbuch 151 und 152		Versuchsteil im Original Feldbuch 153 und 154		Versuchsteil im Original Feldbuch 153 und 154	
OPG	PGD	OPG	PGD	OPG	PGD	OPG	PGD
1	S1	51	S6	1	S1	51	S6
2	12	52	46	2	13	52	46
3	21	53	47	3	21	53	47
4	32	54	4	4	28	54	48
5	48	55	7	5	40	55	49
6	50	56	5	6	17	56	50
7	42	57	51	7	18	57	51
8	49	58	52	8	26	58	52
9	54	59	53	9	60	59	53
10	88	60	8	10	9	60	54
11	S2	61	S7	11	S2	61	S7
12	10	62	55	12	10	62	55
13	11	63	56	13	11	63	56
14	1	64	57	14	12	64	57
15	13	65	58	15	1	65	58
16	14	66	59	16	14	66	59
17	15	67	60	17	15	67	8
18	16	68	61	18	16	68	61
19	17	69	62	19	5	69	62
20	18	70	63	20	6	70	63
21	S3	71	S8	21	S3	71	S8
22	19	72	64	22	19	72	64
23	20	73	65	23	20	73	65
24	2	74	66	24	2	74	66
25	22	75	67	25	22	75	67
26	23	76	68	26	23	76	68
27	24	77	69	27	24	77	69
28	25	78	70	28	25	78	70
29	26	79	71	29	7	79	71
30	27	80	72	30	27	80	72
31	S4	81	S9	31	S4	81	S9
32	28	82	73	32	3	82	73
33	29	83	74	33	29	83	74
34	30	84	75	34	30	84	75
35	31	85	76	35	31	85	76
36	3	86	77	36	32	86	77
37	33	87	78	37	33	87	78
38	34	88	79	38	34	88	79
39	35	89	80	39	35	89	80
40	36	90	81	40	36	90	81
41	S5	91	S10	41	S5	91	S10
42	37	92	82	42	37	92	82
43	38	93	83	43	38	93	83
44	39	94	84	44	39	94	84
45	40	95	85	45	4	95	85
46	41	96	86	46	41	96	86
47	6	97	87	47	42	97	87
48	43	98	9	48	43	98	88
49	44	99	89	49	44	99	89
50	45	100	90	50	45	100	90

Tabelle 64: Original Prüfgliedbezeichnung (OPG) 2013/14 + Prüfgliedbezeichnung in dieser Dissertation

2013				2014	
Versuchsteil im Original Feldbuch 131		Versuchsteil im Original Feldbuch 132,133,134		Versuchsteil im Original Feldbuch 151,152,153	
OPG	PGD	OPG	PGD	OPG	PGD
1	S3	1	S3	1	S3
2	S6	2	S6	2	5.1
3	S11	3	S11	3	6.1
4	28	4	28	4	7.1
5	26	5	17	5	4.1
6	9	6	9	6	8.1
7	1	7	5	7	5.6
8	2	8	6	8	6.6
9	25	9	25	9	7.6
10	7	10	7	10	4.6
11	3	11	29	11	S18
12	36	12	36	12	8.6
13	39	13	38	13	5.7
14	4	14	4	14	6.7
15	56	15	54	15	7.7
16	8	16	56	16	4.7
17	63	17	8	17	8.7
18	68	18	69	18	5.9
19	69	19	72	19	6.9
20	81	20	78	20	7.9
21	83	21	83	21	S6
22	86	22	87	22	4.9
23	87	23	88	23	8.9
24	S12	24	S12	24	1.1
25	S13	25	S13	25	2.1
26	S14	26	S14	26	3.1
27	12	27	1	27	9.1
28	11	28	16	28	4.1
29	1	29	18	29	1.2
30	18	30	23	30	2.2
31	2	31	3	31	S10
32	25	32	6	32	3.2
33	28	33	47	33	9.2
34	3	34	4	34	4.2
35	47	35	7	35	1.3
36	4	36	52	36	2.3
37	7	37	8	37	3.3
38	5	38	57	38	9.3
39	52	39	63	39	4.3
40	53	40	64	40	1.4
41	8	41	66	41	2.4
42	66	42	70	42	3.4
43	78	43	72	43	9.4
44	80	44	80	44	4.4
45	87	45	9	45	1.5
46	89	46	89	46	2.5
47	S15	47	S15	47	3.5
48	S16	48	S16	48	9.5
49	S17	49	S17	49	4.5

8. Danksagung

Herrn Prof. Dr. Heiko Becker danke ich sehr für die tolle Betreuung und das entgegenbrachte Vertrauen. Seine Tür stand immer offen für mich und er konnte mir stets mit seinen Hinweisen sehr helfen. Zusätzlich gab er mir den Freiraum und die Möglichkeit die Pflanzenzüchtung und mich selbst aus einer neuen Perspektive kennenzulernen.

Prof. Dr. Rolf Rauber danke ich für die Übernahme des Korreferats.

Mit Dr. Walter Schmidt konnte ich auf den „geistigen“ Vater des Mais-Stangenbohnen-Anbaus in Deutschland zurückgreifen. Damit war mir ein Wissen zugänglich, welches ich gerne nutzte und viel lernte. Die Zusammenarbeit mit ihm hat mein Bild von einer erfolgreichen Pflanzenzüchtung nachhaltig geprägt.

Ulrike Hill und Dirk Hunold möchte ich für die technische Unterstützung während meiner Promotion danken. Ullrike Hill besonders, da sie die teilweise recht eintönigen Arbeiten sehr erleichtert. Hinzu kommt an dieser Stelle Herr Heise und das Feldpersonal, die ab und zu mit anpacken durften und ohne deren Hilfe so große Projekte nicht möglich sind.

Sergej Schwab war ein toller Hiwi, dem ich viel Arbeit anvertrauen konnte. Keiner ist gepflegter auf dem Acker.

Meinen Mitdoktoranden danke ich für die tolle Zeit in Göttingen und auf den Exkursionen. Vielen Dank an Mareile Stever, dass sie mir ihr Projekt für einige Zeit anvertraut hat und mir vieles beigebracht hat, was ich auch in meinem Projekt verwenden konnte.

Meiner Mama, meinem Papa und meiner Schwester möchte ich dafür danken, dass sie stets an mich geglaubt haben und sich gelassen mein Gerede über Mais und Bohnen angehört haben. Vielen Dank auch für das für das Verständnis, wenn der Mais rief und ich nicht zu Familienangelegenheiten in die Heimat kam. Ich freue mich, dass ich euch auch ein wenig anstecken konnte und Mais mit Bohnen Zugang zu Garten und Balkon gefunden haben.

Noch viel mehr Gerede musste meine Freundin Ruth ertragen und ich freue mich, dass sie zumindest im letzten Jahr einen Haufen Bohnen am Mais sehen konnte. Sie hat mich immer sehr unterstützt und angespornt. Sei es auf dem Feld oder beim Schreiben. Ich bin sehr dankbar, dass sie so verständnisvoll ist.

Den Mitarbeitern der KWS SAAT AG danke ich für die professionelle Versuchsdurchführung.

Der Fachagentur für nachwachsende Rohstoffe danke ich für die finanzielle Förderung.

Vielen Dank!

9. Erklärungen

1. Hiermit erkläre ich, dass diese Arbeit weder in gleicher noch in ähnlicher Form bereits anderen Prüfungsbehörden vorgelegen hat. Weiter erkläre ich, dass ich mich an keiner anderen Hochschule um einen Doktorgrad beworben habe.

Göttingen, den 20. Mai 2015

(Christopher Hoppe)

2. Hiermit versichere ich an Eides statt, die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst zu haben und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet zu haben.

Göttingen, den 20. Mai 2015

(Christopher Hoppe)